



# Journal of Basic & Applied Genetics

(Formerly MENDELIANA)

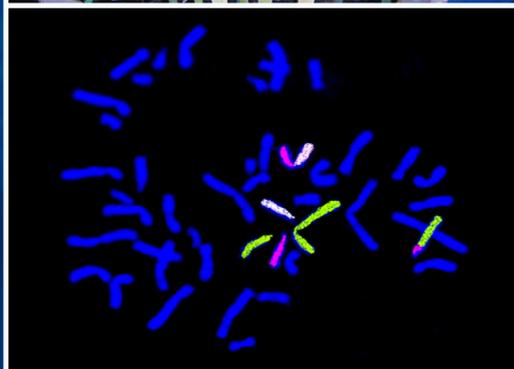
**JOURNAL OF THE ARGENTINE SOCIETY OF GENETICS  
REVISTA DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE GENÉTICA**

Proceedings  
**XLIII ARGENTINE CONGRESS OF GENETICS  
IV REGIONAL SAG-LA PAMPA PATAGONIA MEETING**

*Actas*  
**XLIII CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA  
IV REUNIÓN REGIONAL SAG-LA PAMPA PATAGONIA**

Cited by  
**BIOLOGICAL ABSTRACTS  
GENETICS ABSTRACTS  
SISTEMA LATINDEX  
THOMSON REUTERS  
SCOPUS**

Included in **SciELO**



**BUENOS AIRES - ARGENTINA**





## **ACTAS**



### **XLIII CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA IV REUNIÓN REGIONAL SAG-LA PAMPA PATAGONIA**

19 al 22 de octubre de 2014  
Hotel Panamericano Bariloche  
**SAN CARLOS DE BARILOCHE - ARGENTINA**

## COMISIÓN DIRECTIVA

---

### **PRESIDENTE**

Dra. Mónica Poverene  
Dpto. Agronomía. CONICET  
Universidad Nacional del Sur, Buenos Aires

### **VICEPRESIDENTE 1º**

Dr. Ricardo W. Masuelli  
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria  
CONICET-Universidad Nacional de Cuyo

### **VICEPRESIDENTE 2º**

Dra. Beatriz Saidman  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales  
Universidad de Buenos Aires y CONICET  
(Presidente de la Subcomisión de Docencia)

### **SECRETARIO**

Ing. Agr. Ezequiel Grassi  
Facultad de Agronomía y Veterinaria  
Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba

### **TESORERA**

Dra. Graciela del Rey  
Centro de Investigaciones Endocrinológicas “Dr. César Bergadá”  
(CEDIE) CONICET – FEI – División de Endocrinología  
Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez  
Buenos Aires

### **VOCAL 1ro (Prosecretario)**

Dr. Gustavo Rodríguez  
Facultad de Ciencias Agrarias  
Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba

### **VOCAL 2do (Protesorera)**

Ing. Agr. Lilia M. Melucci  
EEA Balcarce INTA y Facultad de Ciencias Agrarias,  
UNMdP

### **VOCAL 3ro**

Dr. Ezequiel Bossio  
IGEAF INTA Castelar  
(Presidente de la Subcomisión de Prensa)

### **VOCAL SUPLENTE 1ro**

Dra. Viviana Solís Neffa  
IBONE-CONICET  
Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes

### **VOCAL SUPLENTE 2do**

Ing. Agr. María Silvia Tacaliti  
Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales  
Universidad Nacional de La Plata

### **REVISOR DE CUENTAS**

Dra. Marina Gutiérrez  
Secc. Genética Hospital Pedro Elizalde

## CONSEJO ASESOR

---

### **REGIÓN CIUDAD AUTÓNOMA DE BUENOS AIRES Y PROVINCIA DE BUENOS AIRES**

Ing. Prod. Agrop. M.Sc. Carlos Mezzadra  
EEA Balcarce INTA y Facultad de Ciencias Agrarias,  
UNMdP

Dra. Cristina Barreiro  
Hospital de Pediatría Prof. Dr. J P Garrahan, Buenos Aires

Dr. Nestor Bianchi  
IMBICE, CONICET, Buenos Aires

Dr. Enrique Gadow  
CEMIC, Buenos Aires

Dr. Martín Roubicek  
Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires

### **REGIÓN CENTRO**

Dra. Noemí Gardenal  
Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales  
Universidad Nacional de Córdoba

Dr. Iván Tiranti  
Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales  
Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba

### **REGIÓN CUYO**

Dra. Norma Magnelli  
Facultad de Ciencias Médicas  
Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza

### **REGIÓN NOROESTE**

Dr. José Dipierri  
Instituto Biología de la Altura  
Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy

### **REGIÓN NORESTE**

Dr. Camilo Quarín  
Facultad de Ciencias Agrarias  
Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes

### **REGIÓN LITORAL**

Dra. Liliana A. Picardi  
Facultad de Ciencias Agrarias  
Universidad Nacional de Rosario, Santa Fé

Dra. María Inés Oyarzábal  
Facultad de Ciencias Veterinarias  
Universidad Nacional de Rosario, Santa Fé

### **REGIÓN LA PAMPA Y PATAGONIA**

Dr. Leonardo Gallo  
Unidad de Genética Forestal  
EEA INTA Bariloche, Río Negro

## COMISIÓN ORGANIZADORA LOCAL

---

### **Presidenta:**

Dra. María Rosa Lanari  
EEA Bariloche INTA, Río Negro

### **Secretaria:**

Dra Paula Marchelli  
CONICET –EEA Bariloche INTA, Río Negro

MsCs. Nicolás Giovannini  
EEA Bariloche INTA, Río Negro

Dra María Marta Azpillicueta  
EEA Bariloche INTA, Río Negro

Dr Leonardo Gallo  
EEA Bariloche INTA, Río Negro

Dra Carolina Soliani  
EEA Bariloche INTA, Río Negro

Dra María Silvina Juchniuk  
Hospital Trelew, Chubut

Dra Silvia Avila  
Hospital Neuquén, Neuquén

Ms Cs Paula Calvo  
EEA Alto Valle INTA, Río Negro

Vet. Med. Sebastián Debenedetti  
SSDRAF Río Negro

Lic. Gen. Martín Moronta  
IPAF INTA Patagonia

Dr. Alejandro Vozzi  
EEA Chubut INTA

Dra Silvia Vanelli Rey  
Lab. Genética Forense, Bariloche  
Río Negro

## COMITÉ EDITORIAL

---

### Editor General:

Dra. Elsa L. Camadro  
*Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA),  
Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP)  
y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas  
(CONICET)*  
Balcarce, Argentina  
camadro.elsa@inta.gob.ar

### Editores Asociados:

#### Citogenética Animal

Dra. Liliana M. Mola  
*Depto. de Ecología, Genética y Evolución,  
Fac. de Ciencias Exactas y Naturales, Univ. de Buenos Aires  
(UBA) y CONICET*  
Buenos Aires, Argentina  
limola@ege.fcen.uba.ar

#### Citogenética Humana

Dra. Roxana Cerretini  
*Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS, "Dr Carlos G  
Malbrán"*  
Buenos Aires, Argentina  
rcerretini@argentina.com

#### Citogenética Vegetal

Dr. José Guillermo Seijo  
*Instituto de Botánica del Nordeste,  
Universidad Nacional del Nordeste (UNNE)-CONICET*  
Corrientes, Argentina  
seijo@agr.unne.edu.arcom

#### Genética de Poblaciones y Evolución

Dr. Jorge Cladera  
*Instituto de Genética "Ewald Favret",  
Centro de Investigación en Cs. Veterinarias y Agronómicas,  
INTA*  
Castelar, Argentina  
cladera.jorge@inta.gob.ar

Dra. Noemí Gardenal  
*Fac. de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales,  
Universidad Nacional de Córdoba (UNC) y CONICET*  
Córdoba, Argentina  
ngardenal@efn.uncor.edu

Dr. Juan César Vilardi  
*Depto. de Ecología, Genética y Evolución,  
Fac. Ciencias Exactas y Naturales, UBA, y CONICET*  
Buenos Aires, Argentina  
vilardi@bg.fcen.uba.ar

#### Genética Humana y Genética Médica

Dra. María Inés Echeverría  
*Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas,  
Universidad Nacional de Cuyo (UNCu)*  
Mendoza, Argentina  
miecheve@fcm.uncu.edu.ar

Dr. Santiago Lippold  
*Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas  
(CEMIC)*  
Buenos Aires, Argentina  
sel1@fibertel.com.ar

#### Genética Molecular (Animal)

Dr. Guillermo Giovambattista  
*Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET),  
CONICET-Fac. de Cs. Veterinarias, Univ. Nacional de La Plata  
(UNLP)*  
La Plata, Argentina  
ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

#### Genética Molecular (Vegetal)

Dr. Alberto Acevedo  
*Centro de Investigación de Recursos Naturales, INTA  
Castelar, Argentina*  
acevedo.alberto@inta.gob.ar

Dr. Andrés Zambelli  
*Centro de Investigación en Biotecnología. Advanta Semillas  
Balcarce, Argentina*  
andres.zambelli@advantasemillas.com.ar

#### Genética y Mejoramiento Animal

Ing. (M. Sc.) Carlos A. Mezzadra  
*Área de Investigación en Producción Animal,  
EEA Balcarce, INTA y Fac. de Cs. Agrarias, UNMDP*  
Balcarce, Argentina  
mezzadra.carlos@inta.gob.ar

Dra. Liliana A. Picardi  
*Cátedra de Genética, Fac. de Cs. Agrarias,  
Universidad Nacional de Rosario (UNR)*  
Zavalla, Argentina  
lpicardi@fcagr.unr.edu.ar

#### Genética y Mejoramiento Genético Vegetal

Dr. Miguel A. Di Renzo  
*Facultad de Agronomía y Veterinaria,  
Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC)*  
Córdoba, Argentina  
mdirenzo@ayv.unrc.edu.ar

Dr. Ricardo W. Masuelli  
*EEA La Consulta, INTA  
Fac. de Cs. Agrarias, Univ. Nacional de Cuyo (UNCu)  
y CONICET,*  
Mendoza, Argentina  
rmasuelli@fca.uncu.edu.ar

Dra. Mónica Poverene  
*Depto de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS)  
y CONICET*  
Bahía Blanca, Argentina  
poverene@criba.edu.ar

#### Mutagénesis

Dr. Alejandro D. Bolzán  
*Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis,  
Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE)  
y CONICET*  
La Plata, Argentina  
abolzan@imbice.org.ar

#### Mutaciones Inducidas en Mejoramiento Vegetal

Ing. Agr. (M.Sc.) Alberto R. Prina  
*Instituto de Genética "Ewald Favret",  
Centro de Investigación en Cs. Veterinarias y Agronómicas,  
INTA Castelar, Argentina*  
prina.albertoraul@inta.gob.ar

#### Consultor Estadístico:

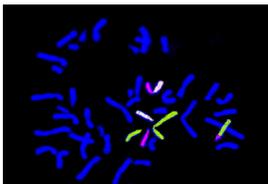
Ing. Agr. Francisco J. Babinec  
*EEA Anguil, INTA, y  
Fac. de Agronomía, Univ. Nacional de La Pampa (UNLPam)*  
La Pampa, Argentina  
babinec.francisco@inta.gob.ar

## FOTOGRAFÍAS Y AUTORES

### Tapa



Plántulas mutantes de cebada deficientes en clorofila  
**A. Prina**



Translocación compleja balanceada en paciente mujer (técnica FISH).  
**R. Cerretini**

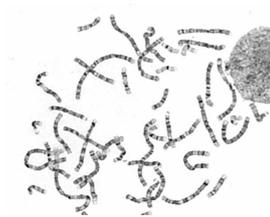


Tropa de llamas EEA INTA Abra Pampa  
**R. Maidana**

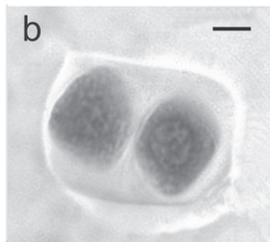
### Carátulas



**CA**  
Provista por L. Erazzú



**CH**  
Metafase con cariotipo 46.XX, técnica de bandeo GTG.  
**R. Cerretini**



**CV**  
Díada en el estadio de tétrada en zanahoria silvestre, *Daucus pusillus*.  
**S. Ibañez**



**EPG**  
Población natural de papa silvestre (*Solanum kurtzianum*) en Reserva Natural Villavicencio, Mendoza.  
**C. Marfil**



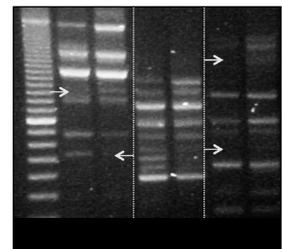
**FG**  
Falso guayabo (*Feijoa sellowiana*).  
**L. Echeverría**



**GBIO**  
Provista por Bioinformática, Universidad Nacional de Rosario



**GEDU**  
Clase práctica de mejoramiento genético en semillero.  
**O. Marcellán**



**GGM**  
Variabilidad molecular en kiwi (*Actinidia deliciosa*).  
**O. Marcellán**



**GMA**  
Provista por L. Erazzú



### GMED

Provista por **S. Lippold**



### GMI

Necrosis en hojas de papa producida por el virus *TSWV* (*Tomato Spotted Wilt Virus*).

**A. Salvalaggio**



### GMV

Panojas de falaris (*Phalaris aquatica* L.)

**F. Spara**



### GPE

Provista por L. Erazzú



### MCTA

Sectores deficientes en clorofila en plántula de poroto proveniente de semilla tratada con rayos X.

**A. Prina**



### RRGG

Jardín experimental de papa silvestre *Solanum kurtzianum* en Reserva Natural Villavicencio, Mendoza.

**C. Marfil**

---

## Diseño de tapa, carátulas y maquetación:

Mauro Salerno

**Nota:** Los resúmenes y las descripciones de las fotografías se publican en este suplemento como fueron originalmente enviados por los autores, excepto por correcciones formales y ortográficas menores realizadas por los editores.

## ÍNDICE

---

<b>CONFERENCIAS</b>	<b>11</b>
---------------------	-----------

---

<b>SIMPOSIOS</b>	<b>18</b>
------------------	-----------

---

<b>FOROS</b>	<b>56</b>
--------------	-----------

---

<b>ESPACIO JOVEN</b>	<b>69</b>
----------------------	-----------

---

<b>COMUNICACIONES LIBRES</b>	<b>75</b>
------------------------------	-----------

---

CA. Citogenética Animal.....	75
CH. Citogenética Humana.....	81
CV. Citogenética Vegetal.....	89
EPG. Epigenética.....	102
FG. Farmacogenética.....	108
GBIO. Genética y Bioinformática.....	113
GEDU. Genética y Educación.....	119
GGM. Genómica y Genética Molecular.....	128
GMA. Genética y Mejoramiento Animal.....	152
GME. Genética Médica.....	161
GMI. Genética de Microorganismos.....	177
GMV. Genética y Mejoramiento Vegetal.....	182
GPE. Genética de Poblaciones y Evolución..	225
MCTA. Mutagénesis, Carcinogénesis y Teratogénesis Ambiental.....	252
RRGG. Recursos Genéticos.....	267





# CONFERENCIAS



## CONFERENCIA INAUGURAL “DR. FRANCISCO SÁEZ”

### DE LA REVOLUCIÓN NEOLÍTICA A LA REVOLUCIÓN VERDE EN LA ALIMENTACIÓN HUMANA

Salerno J.C. Instituto de Genética “Ewald A. Favret”, INTA-Hurlingham.

e-mail: salerno.juancarlos@inta.gob.ar

La revolución neolítica marcó el cambio de la humanidad hacia la producción de alimentos a través de la domesticación de plantas y animales, que permitió alimentar a más gente y al crecer la población se fundaron las primeras ciudades. La Revolución Verde desde la óptica de la genética y el mejoramiento fue realizada con los conocimientos de la genética mendeliana tradicional. Indudablemente los principios de la genética cuantitativa contribuyeron a seleccionar el germoplasma adecuado y a lograr las mejores combinaciones para mayores rendimientos. Pero los espectaculares aumentos en el rendimiento del trigo y también del arroz durante esta revolución, fueron posibles gracias a la incorporación de caracteres cualitativos como el enanismo (genes autosómicos *Rht-B1b* y *Rht-D1b*, *semi-dwarfing alleles*, provenientes del trigo enano japonés Norin 10). Esa incorporación en las nuevas variedades por Norman Borlaug, permitió la revolución por la adaptación de la estructura de la planta para intensificar el cultivo. La clave para cuantificar este efecto es que 10<sup>9</sup> vidas fueron salvadas de morir de hambre o de seguir desnutridas. Esa revolución verde adaptó la estructura de la planta a la agricultura moderna y logró alimento abundante como nunca antes. Se plantea el efecto ambiental relacionado al consumismo y asociado a la plasticidad y a la dinámica de las conductas humanas que, entre otras cosas, desequilibran las dietas y conllevan a los trastornos alimentarios.

## CONFERENCIA PLENARIA “Ewald A. Favret”

### APROXIMACIÓN EPISTEMOLÓGICA A LA GENÉTICA ECOLÓGICA DE ESPECIES FORESTALES

Gallo L.A. Grupo de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal. INTA, EEA Bariloche.

e-mail: gallo.leonardo@inta.gob.ar

La evolución de la genética como ciencia de la herencia ha seguido el mismo derrotero de la ciencia en general ajustando sus valores epistémicos al desarrollo de las sociedades, a la prevalencia de las diferentes ideologías y a los designios del poder económico. Algunos de los principios fundadores de la revolución científica forjados en el siglo XVII perseveran y se acentúan en nuestros días. La facilidad actual para la matematización de los procesos biológicos a través del uso computacional y de otras tecnologías se ha extendido en algunos casos más allá de lo biológicamente razonable. Por otro lado, la presión del sistema tradicional de evaluación científica que sigue también el axioma capitalista de “obtener la mayor productividad en el menor tiempo posible” atenta adicionalmente contra la calidad de la información que se brinda a la sociedad. Ambos sesgos, matematización excesiva y presión para la producción científica, incrementan la probabilidad de que la ciencia se transforme en un intento de lograr conocimiento a través de la sistematización de la ignorancia. Aún así, surgen atisbos de verdades temporarias que contribuyen a avanzar en el desarrollo científico y que describen tendencias, diferencias cualitativas y equilibrios de fuerzas contrapuestas alejados del cero. Todo ello se complica aún más cuando el objeto de estudio resulta ser un organismo longevo y fijo a un sitio como es el caso de los árboles y que conforman en conjunto el ecosistema terrestre más complejo: el bosque. La complejidad aumenta cuando el ser humano lo habita y utiliza. ¿Cuál es el aporte de la genética forestal en este contexto? Treinta y cinco años de trabajo en el campo del mejoramiento genético, la genética de poblaciones y la genética ecológica forestal aplicados a resolver problemas concretos y de manera participativa en el ámbito de la conservación y el uso de los recursos genéticos forestales, permiten hacer un análisis crítico retrospectivo de la evolución de estas disciplinas en paralelo con la de la sociedad. Existe un camino posible hacia la generación de conocimiento que posibilita al investigador ser también el constructor del desarrollo

científico con compromiso social, respetando los valores y conocimientos culturales y considerando una distribución equitativa de los beneficios económicos de su actividad.

---

### **SVALBARD GLOBAL SEED VAULT – A BACK-UP SEED BANK OF THE WORLD’S CROP GENETIC RESOURCES; ALSO OF SEED LOTS OF FOREST TREE SPECIES?**

Skrøppa T. Norwegian Forest and Landscape Institute and Nordic Genetic Resource Center (NordGen) PO Box 115, 1431 Ås Norway.  
e-mail: [tore.skroppa@skogoglandskap.no](mailto:tore.skroppa@skogoglandskap.no)

The Svalbard Global Seed Vault provides facilities for the safety deposit of samples of seed of distinct genetic resources of importance to humanity, under black box arrangements and in permafrost conditions supplemented by refrigeration in accordance with internationally agreed standards. The Seed Vault was established by the Norwegian Government in 2008 at 78 degrees North in the Norwegian village of Longyearbyen, on Svalbard, the farthest north you can travel in the world on regularly scheduled commercial jet flight. It is managed in a tripartite arrangement between the Norwegian Ministry of Agriculture and Food, the Global Crop Diversity Trust and the Nordic Genetic Resource Center. The last organization is responsible for the day to day operation and management and organizes deposits in the Seed Vault. The Seed Vault offers the most secure back-up possible for a worldwide network of gene banks that together conserve and make available the biological foundation of agriculture. It contains duplicates of collections of all the world’s major seed crops and a huge range of minor crops. The Seed Vault has a capacity of 4.5 million distinct samples. The seeds are stored in “black-box conditions”, meaning that seed storage boxes remain the property of the institution that sent them, and are not even opened by any party other than the depositor. The storage is provided free of charge. At present, there are 824.625 seed sample of agricultural crops in the Vault, origination from 232 countries of the world. Long-term *ex situ* storage of seed lots of forest tree species for gene conservation purpose has been done to a lesser extent. Recently, a proposal has been put forward to deposit and store seed samples of forest tree species at Svalbard Global Seed Vault, initially restricted to the two species *Pinus sylvestris* and *Picea abies* from the Nordic countries. The main objectives would be to: conservation of seed samples from natural populations to secure back-

up storage for future monitoring of long-term changes in genetic diversity; conservation of seed samples from different stages and generations of breeding populations or seed orchards to monitor changes in genetic diversity taking place during breeding operations; conservation of back-up seed samples of threatened populations, of gene reserve forests or other in situ conservation units.

---

### **APLICACIÓN DE ARRAYS COMO HERRAMIENTA DIAGNÓSTICA DE ENFERMEDADES GENÉTICAS.**

Lapunzina P. INGEMM, Instituto de Genética Médica y Molecular, IdiPAZ-CIBERER, Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras, ISCIII, Madrid, España.  
e-mail: [plapunzina.hulp@salud.madrid.org](mailto:plapunzina.hulp@salud.madrid.org)

Los *microarrays* basados en la hibridación genómica comparada (CGH *array*: aCGH) son una técnica relativamente nueva que se emplea para el análisis del genoma para la búsqueda de ganancias y pérdidas de material cromosómico. Este método tiene una resolución y un rendimiento clínico mayor que técnicas de citogenética clásica. Los aCGH han demostrado ser una herramienta muy útil en la detección de desequilibrios cromosómicos en una amplia gama de trastornos, como DI, AC múltiples, TEA y otros. Hay por lo menos tres clases de arrays de ADN: BACs, de oligonucleótidos y de SNPs (polimorfismo de un único nucleótido). Los arrays de BACs contienen ADN aislado a partir de clones que varían en tamaño desde 150 hasta 200 kb. Son muy sensibles y los resultados obtenidos se pueden validar fácilmente con hibridación *in situ* fluorescente (FISH). Sin embargo, la producción de BACs necesita una gran mano de obra y la resolución de estos arrays es limitada. Los arrays de oligonucleótidos están compuestos de miles del oligos de 50-60 bases que ofrecen una mayor cobertura del genoma. Por otro lado, los arrays de SNP se basan en la localización de cientos de miles a millones de SNPs para proporcionar una resolución extremadamente alta de todo el genoma que permite no sólo la detección de número de copias, sino también la pérdida de heterocigosidad debido a la homocigosidad de los SNPs (disomía uniparental, UPD) ó por haploinsuficiencia por deleciones. En esta ponencia, se comentarán los aspectos más relevantes de las nuevas herramientas de aCGH para el diagnóstico de las enfermedades genómicas, su uso actual y sus indicaciones principales.

## RED CONBIAND, COOPERACIÓN IBEROAMERICANA EN LA GESTIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS ANIMALES

Carolino N. Instituto Nacional I de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Fonte Boa, 2005-048 Vale de Santarém, Portugal. Escola Universitária Vasco da Gama, Avenida José R. Sousa Fernandes 197 Lordemão, 3020-210 Coimbra, Portugal. CIISA-Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lisboa, Lisboa, Portugal.  
e-mail: nuno.carolino@iniav.pt, carolinonuno@sapo.pt

En 1999, nueve grupos de investigación pertenecientes a seis países formaron la “Red Iberoamericana sobre la conservación de los recursos genéticos animales para el desarrollo rural sostenible”, financiada por el Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el desarrollo (Red CYTED XII-H). Esta red mantuvo su estructura aún finalizado el financiamiento del programa CYTED y en 2004 ya incluía 14 países. El compromiso asumido por los integrantes en pos de las acciones de valoración y conservación de los recursos zoogenéticos llevó a constituir en 2009 la “Asociación sobre la Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible- RED CONBIAND”. Actualmente, la RED CONBIAND engloba más de 500 investigadores de más de 40 grupos de investigación de 22 países: Argentina, Uruguay, Chile, Brasil, Paraguay, Bolivia, Perú, Ecuador, Venezuela, Colombia, El Salvador, Panamá, Guatemala, Costa Rica, México, Cuba, Portugal, España, Italia, Francia, Estados Unidos y Alemania. El objetivo central de la RED CONBIAND es la cooperación para el desarrollo científico, social y económico de Iberoamérica a través de diferentes campos de actuación, relacionados todos con la conservación de la biodiversidad: estudio, caracterización y conservación de los recursos zoogenéticos y sistemas de producción tradicionales, evaluación del impacto social y ecológico de los recursos zoogenéticos, desarrollo científico y tecnológico, formación y capacitación de técnicos.

## REGULACIÓN Y EDICIÓN EPIGENÉTICA EN CÉLULAS MADRE Y TRANSDIFERENCIACIÓN CELULAR

Pereyra-Bonnet F. Investigador CONICET - Unidad de Reprogramación Celular, Instituto de Ciencias Básicas y Medicina Experimental, Hospital Italiano de Buenos Aires.  
e-mail: federico.pereyra@hospitalitaliano.org.ar

La expresión génica está estrictamente controlada en los procesos celulares mediante señales químicas sobre la

cromatina y su conformación en el espacio tridimensional, que en su conjunto se denominan Epigenética. Durante el desarrollo de un organismo la diferenciación hacia los distintos tipos celulares esta modulada por mecanismos epigenéticos heredables entre las células de un mismo linaje. Además, recientemente se ha descubierto que las marcas epigenéticas son reversibles, abriendo todo un abanico de posibilidades para comprender la plasticidad de las células madre y explorar la plasticidad de las células adultas ya diferenciadas. Estos nuevos conocimientos han permitido desarrollar estrategias sofisticadas para modificar la epigenética de las células y de esta manera poder manipularlas al extremo de convertirlas en células diferentes, proceso que se denomina reprogramación celular. Nuestro grupo actualmente trabaja en estrategias para mejorar los métodos de reprogramación celular. Utilizando moléculas químicas desarrollamos una nueva aproximación para obtener células productoras de insulina reprogramando células de la piel de pacientes con diabetes tipo 1. Más recientemente hemos asistido a la reprogramación química con el sistema CRISPR/dCas9, una moderna biotecnología que actúa editando la epigenética celular en forma dirigida y puntual. Los alcances de la reprogramación celular aún están bajo evaluación de seguridad y eficacia en modelos animales, motivo por el cual se llama a la cautela al pensar en futuros ensayos.

## PHENOTYPIC PLASTICITY OF NORWAY SPRUCE PROVENANCES, FAMILIES AND CLONES GROWN UNDER DIFFERENT CLIMATIC CONDITIONS IN THE NORDIC COUNTRIES

Skroppa T. Norwegian Forest Research Institute, PO Box 115, 1431 Ås, Norway.

e-mail: tore.skroppa@skogoglandskap.no

Phenotypic plasticity is the ability of a genotype to produce different phenotypes in response to distinct environmental conditions and is an attribute of its individual reaction norm. In a population of genotypes, such as a family or a provenance, its reaction norm is determined by the average performance of genotypes and is influenced by genetic variation. Little knowledge is available of the genetic variation in plasticity, its heritability, its relationship to  $g \times e$  interactions and the influence on plasticity of the genetic composition of the population. In the presentation, these concepts will be discussed

based on information from both quantitative genetic traits and molecular markers in a series of Norway spruce trials planted under very diverse site conditions in four Nordic countries. The information has relevance for the composition of tree breeding populations and seed orchards and for adaptation to climate change. Eighteen field trials with Norway spruce provenances, families and clones were established in Norway, Sweden, Finland and Denmark in 1988–89. The materials comprised 20 provenances from the Nordic countries, Central and Eastern Europe; 100 full-sib families from a 10 x 10 factorial cross and 240 clones from 20 of the full-sib families in the factorial cross. The parents in the crosses were 10 Norwegian plus trees and 10 trees of East-European origin, selected after 25 years in a provenance trial in northern Sweden and grafted in a Norwegian seed orchard. Seven trials with provenances and families and nine trials with clones were measured ten growth seasons after planting, and records of mortality, tree heights and damage are available. Nine of the trials were again measured ten years later, increment cores were collected and wood density analyses have been performed. Traits characterizing phenology, which is important for adaptation under northern conditions, have been measured in short term trials and in some of the field trials. The 20 parents and the 240 clones have been characterized by microsatellite markers. Height ten growth seasons after planting were analysed by analyses of variance across sites and joint regression analyses, made separately for provenances, families and clones. For provenances, the provenance x site variance component doubled its size when all 20 provenances were analysed compared to the analysis of eight Nordic provenances. For families and clones, the variance components of families and clones within families were approximately of the same magnitude. The interaction component with sites was twice as high for families as for clones within families. The regression coefficients, estimated for individual clones within families in the joint regression analysis with site means as the dependent variable, varied significantly both among families and among clones within families. A significant relationship was found between plasticity and the timing of growth start, which is important for adaptation to the climatic conditions in the boreal forest. The results clearly demonstrate that  $g \times e$  interactions of Norway spruce provenances depend on the origins of the set of provenances tested and how far they are transferred. The variation in  $g$

$e$  interactions among clones within families, expressed by the significant differences in regression coefficients, demonstrates that interactions exist different from those due to variation in adaptive properties at the provenance level. The phenotypic plasticity, expressed by the norm of reaction of clones within families, is under genetic control. Further analyses will be presented of relationships between adaptive traits of provenances, families and clones for a better characterisation of plasticity and  $g \times e$  interactions. The performance and plasticity of selected populations with different levels of known genetic diversity based on the microsatellite markers will be characterized.

---

## GENÉTICA Y ARTE

*En memoria de mi ex discípulo y amigo Daniel Lopez Larraza*  
Bianchi N.O. IMBICE. La Plata, Argentina.

e-mail: nobianchi\_2000@yahoo.com

¿Qué es arte? Aunque no es fácil encontrar una definición satisfactoria hay algunas condiciones que deberían cumplir las obras de arte: no existir en la naturaleza y ser la resultante de una creación del ser humano (incluyendo la acción de reproducir algo preexistente en la naturaleza o emplear elementos de la naturaleza para crear algo original); contener un simbolismo que el autor desee transmitir al público; generar una respuesta emocional en los que observan y analizan la obra. Para que el arte exista es esencial que exista un público que lo aprecie. Las variables y anomalías genéticas pueden influenciar el arte de tres maneras: (a) modificando el fenotipo del modelo en el cual se inspira el artista, (b) influenciando los sentidos, el estado cognitivo o emocional del autor o del artista que produce una obra, (c) modificando la forma en que un observador aprecia el trabajo del artista. La pintura, la escultura, la danza, la literatura y el cine ofrecen innumerables ejemplos de las tres premisas anteriores. Así como la Genética puede influenciar una expresión artística, la Genética misma, en especial la Genética molecular, ha sido empleada para generar nuevas formas de arte con real valor artístico en algunos casos, o como curiosidades interesantes en otros. El simbolismo que se intenta transmitir con una obra de arte depende del pensamiento abstracto, el cual depende de la evolución del cerebro y de la aparición de la comunicación por el habla o los gestos. Por consiguiente se analizará la eventual aparición del arte en el género *Homo*.

---

## RAÍCES GENÉTICAS DE LA CERVEZA LAGER: LA HIPÓTESIS PATAGÓNICA

Libkind D. Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (CONICET-UNComahue), Bariloche, Argentina.  
e-mail: libkindfd@comahue-conicet.gob.ar

La levadura utilizada para fabricar más del 90% de la cerveza a nivel Mundial es uno de los microorganismos más relevantes en la industria y se la conoce como *Saccharomyces pastorianus* o levadura Lager. Se trata de un híbrido aloploidico entre una cepa cervecera de *S. cerevisiae* y una especie de *Saccharomyces* adaptada a ambientes fríos que su identidad estaba en discusión hasta hace poco. La levadura Lager, durante su domesticación a la industria cervecera, sufrió numerosas aneuploidías y mutaciones cromosómicas y génicas, que la transformaron en una excelente fermentadora de mosto cervecero a bajas temperaturas. El misterio del origen de su parental criotolerante se resolvió a raíz de estudios a nivel genómico de múltiples cepas en combinación con estudios de ecología microbiana que permitieron el descubrimiento de una nueva levadura fermentadora en la Patagonia Argentina. Esta nueva especie, asociada a bosques de *Nothofagus* endémicos de la Patagonia Andina, fue bautizada *S. eubayanus* y mostró una similitud genómica del 99,5% con la porción no-*cerevisiae* de la levadura Lager. Estudios posteriores demostraron que la diversidad genética de esta especie es suficientemente elevada como para considerarla nativa de la región y que tendría potencial para el desarrollo de levaduras cerveceras indígenas para la producción de cerveza con identidad regional.

---

## ASTROBIOLOGÍA: EL ESTUDIO DE LA VIDA COMO UN FENÓMENO PLANETARIO

Abrevaya X.C. Instituto de Astronomía y Física del Espacio (IAFE), CONICET-UBA.  
e-mail: abrevaya@iafe.uba.ar

La astrobiología es la búsqueda científica de vida o de posibilidades que ésta exista en otros planetas. Su objetivo fundamental es entender el origen, evolución y distribución de la vida en el Universo. Es un campo multidisciplinario de la ciencia que involucra conocimiento de diferentes áreas, tales como astrofísica, astronomía, química, biología y geología, entre otras. Durante esta charla me focalizaré en varios aspectos fundamentales de este campo a modo de introducción y

luego en algunos de los proyectos interdisciplinarios que son parte de mi trabajo en el área, que involucran una fuerte interacción, principalmente, entre la astrofísica y la biología. Estos estudios, que implican abordajes tanto teóricos como experimentales, se relacionan a la influencia de la radiación en el origen de la vida y en la habitabilidad planetaria, debido a que es sabido que la radiación puede tener efectos directos o indirectos sobre la vida “tal como la conocemos”. Tanto la Tierra primitiva como planetas que se encuentran dentro o fuera del Sistema Solar, así como sus respectivas estrellas, resultan objetos de estudio en estos proyectos. Así mismo, mostraré algunos de los experimentos realizados en condiciones de laboratorio, que implican simulaciones planetarias o del medio interplanetario y los resultados obtenidos, que demuestran la flexibilidad de la vida de tipo terrestre, en particular microorganismos, para sobrevivir a estas condiciones exóticas.





# SIMPOSIOS



## FILOGEOGRAFÍA COMPARADA CON ÉNFASIS EN LA REGIÓN PATAGÓNICA

Coordinadora: Azpilicueta M.M. INTA- Estación Experimental Agropecuaria Bariloche, Bariloche, Río Negro. e-mail: azpilicueta.maria@inta.gob.ar

La Filogeografía es la disciplina que estudia la relación entre la distribución espacial de la diversidad de las especies, sub-especies y poblaciones y los procesos que la habrían modelado, a partir de datos genéticos y en un contexto geográfico. El término fue acuñado por Avise en el año 2000 y desde esa fecha hasta el presente estos estudios se han extendido ampliamente. En particular, la filogeografía comparada busca reconstruir los cambios evolutivos que sufrieron las distintas especies ocupando una región, sometidas a los mismos procesos modeladores. Estos estudios deben abordarse de manera inter-disciplinaria; los análisis genéticos se apoyan en conocimientos provenientes de la geología, la climatología y la paleontología –por ejemplo, a través de estudios de polen fósil en especies vegetales– entre otros. En el presente simposio se abordarán los aspectos geológicos del pasado de la Patagonia, con énfasis en los procesos glaciales que habrían tenido una marcada influencia en el patrón de diversidad genética de las especies de la región. Se presentarán también distintas hipótesis sobre localización de refugios y rutas de recolonización de las especies que conforman los bosques andino-patagónicos a partir de estudios palinológicos. Finalmente, se presentarán patrones filogeográficos de varias especies de roedores sigmodontinos, en especial *Abrothrix olivacea* y *A. hirta* –de amplia distribución geográfica en Patagonia– a partir de información generada con marcadores genéticos nucleares y mitocondriales. El conocimiento de la respuesta de las especies a eventos del pasado nos permitirá predecir como responderán los organismos a los cambios futuros.

## GLACIACIONES DE LA PATAGONIA Y TIERRA DEL FUEGO EN EL CENOZOICO TARDÍO

Rabassa J. CADIC-CONICET y Universidad Nacional de Tierra del Fuego, Ushuaia, Tierra del Fuego, Argentina.  
e-mail: jrabassa@gmail.com

Las glaciaciones patagónicas se desarrollaron desde el Mioceno tardío (ca. 6 Ma) en múltiples eventos, de variada duración e intensidad. La mayoría del paisaje glacial actual es el resultado del modelado glacial durante el Pleistoceno,

desde la Gran Glaciación Patagónica (GGP; ca. 1 Ma). Los Andes Patagónicos fueron cubiertos por un manto de hielo de montaña, en forma continua desde lat. 37° S (Paso de Pino Hachado, Neuquén) hasta el Cabo de Hornos (lat. 56° S), en por lo menos cinco glaciaciones mayores, y a lo largo de más de 15 eventos climáticos fríos que tuvieron lugar durante el último millón de años, de variada duración y extensión geográfica. Antes de la GGP, los glaciares estuvieron probablemente restringidos a casquetes glaciales aislados, ubicados en varias regiones de las cadenas montañosas andinas. Sin embargo, los glaciares del Plioceno tardío (ca. 3.0–2.5 Ma) alcanzaron posiciones latitudinales tan orientales como los glaciares de la GGP, lo cual hace que esta denominación deba ser revisada críticamente. Los grandes ríos emisarios de las sucesivas glaciaciones habrían existido desde el Mioceno tardío y sus valles habrían sido reocupados en sus cabeceras en todos los eventos glaciales. Sin embargo, la red de drenaje observable en la actualidad en las zonas montañosas se estableció definitivamente luego del Último Máximo Glacial (UMG; ca. 23–24 cal. ka A.P.), particularmente en aquellos casos en los cuales se ha producido una inversión del drenaje hacia el Océano Pacífico, cuando los glaciares comenzaron a retirarse por efecto de cambios climáticos globales. El impacto ambiental de las glaciaciones se extendió no sólo a la totalidad de la Patagonia, sino también a la Región Pampeana, con desplazamientos de “faunas patagónicas” (de clima frío) hacia el norte, durante las glaciaciones y “faunas brasílicas” (de clima cálido) hacia el sur, durante los periodos interglaciales.

## MIGRACIONES Y REFUGIOS DEL BOSQUE NATIVO DURANTE EL PERÍODO CUATERNARIO. EVIDENCIAS PALINOLÓGICAS

Bianchi M.M. Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano, CONICET.  
e-mail: mariamarthabianchi@gmail.com

Los estudios palinológicos en Patagonia Norte se iniciaron a principios de siglo y estuvieron orientados a determinar la edad de la retracción glacial en la región. Durante los años ochenta, registros polínicos datados con C<sup>14</sup> permitieron convalidar modelos paleoclimáticos globales y plantear hipótesis sobre la existencia de refugios de bosque nativo en áreas no alcanzadas por los glaciares en la Cordillera de la Costa Chilena. Desde allí, numerosas especies arbóreas, como por ejemplo el ciprés de la

cordillera (*Austrocedrus chilensis*), habrían permanecido durante el período glacial, y se habrían expandido hacia el este durante la transición Glacial-post-Glacial. Hacia finales de la década, las evidencias encontradas en el Parque Nacional Nahuel Huapi permitieron rechazar esa hipótesis para el ciprés y proponer la existencia de áreas refugio en la cordillera de los Andes. Durante las décadas siguientes, nuevos registros sustentaron un modelo paleoecológico que proponía el avance progresivo del ciprés desde el bosque en el noroeste de su distribución hacia el ecotono en el sudeste. Resultados recientes, complementados con estudios genéticos, muestran una tendencia inversa indicando la expansión del ciprés desde el sureste, en sitios de estepa.

---

#### **PHYLOGEOGRAPHY IN THE PATAGONIAN-FUEGUIAN SIGMODONTINAE RODENTS *ABROTHRIX OLIVACEA* AND *A. HIRTA* ASSOCIATED TO THE MAJOR PLEISTOCENE CLIMATIC CHANGES**

Mora M.S.<sup>1</sup>, C. Abud<sup>2</sup>, E.P. Lessa<sup>2</sup>, G. D'Elia<sup>3</sup>, U.F.J. Pardiñas<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Depto. Biología, Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMyC-CONICET), Universidad Nacional de Mar del Plata, Argentina.

<sup>2</sup>Depto. Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. <sup>3</sup>Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. <sup>4</sup>Centro Nacional Patagónico (CENPAT-CONICET), Puerto Madryn, Argentina.

e-mail: msmora@mdp.edu.ar

Los efectos biogeográficos relacionados a perturbaciones climáticas han atraído considerablemente nuestra atención. Actualmente se cuenta con un número creciente de estudios filogeográficos en Patagonia que han servido como puntapié inicial para evaluar el impacto que las perturbaciones climáticas han tenido en relación a los cambios demográficos y/o geográficos de diferentes especies, en particular para pequeños mamíferos. Particularmente, el debate sobre la presencia de “refugios” se focaliza en la posibilidad de si la retracción de hábitats en áreas geográficas más pequeñas habría también limitado la distribución y modalidad de ocupación de muchas especies, en especial durante las glaciaciones del Cuaternario. En este trabajo se evalúan de forma comparada, y a partir de la información independiente aportada por marcadores genéticos nucleares y mitocondriales, los patrones filogeográficos de varias especies de roedores sigmodontinos, en especial *Abrothrix olivacea* y *A. hirta*, los cuales presentan una amplia distribución geográfica en

Patagonia. Se ofrece una imagen del impacto histórico de las fluctuaciones climáticas del Pleistoceno Tardío en relación a la demografía poblacional de especies con características biológicas distintivas (ej. nichos ecológicos diferenciales), interpretando el papel de los ciclos glaciales en la conformación de dicha variación genética a nivel geográfico. Así, especies asociadas mayormente al bosque andino-patagónico (ej. *A. hirta*) muestran patrones filogeográficos más fuertes en relación al impacto de los ciclos glaciares cuaternarios.

---

#### **ESTIMACIONES DE EFECTOS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO X AMBIENTE (IGA) EN LA EVALUACIÓN DE GENOTIPOS**

Coordinadora: Lúquez J. Unidad Integrada Balcarce, Balcarce, Argentina.

e-mail: luquez.julia@inta.gob.ar

Nuestro país cuenta con una industria semillera de gran competitividad. Las Compañías deben competir creando más y mejores genotipos para mantener su posición en el mercado. Por ello, la cantidad de experiencias implantadas para su evaluación ha aumentado mucho en los últimos años. Así se cambió la orientación de la investigación en la especialidad, antes era imperativo conseguir información sobre el comportamiento de los genotipos. Hoy, lo importante es acondicionar y transformar la información disponible en el conocimiento que permita seleccionar los genotipos adecuadamente. Es imprescindible la utilización de Bases de Datos que permitan manejar esa gran cantidad de información. La presencia de la IGA complica su interpretación, entonces hay que estimar la estabilidad y adaptabilidad de los genotipos para lograr predictibilidad de los superiores. Hay métodos de los más diversos para ello: paramétricos, no paramétricos, univariados y multivariados, cada uno con ventajas y defectos desde el punto de vista práctico y académico. La principal limitación es que son generalmente de matrices completas. En el INTA, se generó y adaptó un paquete de técnicas para el diseño, sistematización y análisis de redes de ensayos multiambientales comparativos del comportamiento de cultivares que se difundió entre técnicos del organismo y de las empresas semilleras. En este simposio se propone un abordaje a diferentes estrategias para evaluar genotipos con información y procedimientos que permitan estimar el efecto de niveles comprensibles de IGA en el mejoramiento genético.

---

## PLANIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE ENSAYOS MULTIAMBIENTALES

Masiero B. Consultora Privada. Marcos Juárez, Córdoba, Argentina.  
e-mail: beatrizmasiero@hotmail.com

Tanto en criaderos de semillas como en instituciones oficiales se llevan a cabo redes de ensayos multiambientales a campo donde se comparan cultivares comerciales y experimentales. Son heterogéneas en sus protocolos y en la sistematización de la información derivada de la realización de los ensayos. El planteamiento de los objetivos, la planificación, el diseño experimental, las posibilidades de análisis, interpretación y aplicaciones son temas cruciales a considerar en el proceso de mejora. En la actualidad se dispone de procedimientos y *software* para el análisis de varios métodos de análisis de ensayos multiambientales que cubren distintos aspectos de la problemática, especialmente la interacción genotipo por ambiente (IGA). Así, el INTA analiza la información anual, bianual y trianual obtenida de redes de ensayos de genotipos de trigo, soja, girasol, maíz, sorgo, arroz y cereales menores, con los métodos univariado de Shukla y multivariado GGE (genotipo más genotipo por ambiente). Las estrategias que se usan y que se expondrán aquí, permiten determinar niveles comprensibles de IGA. Ellas son a) la subdivisión de áreas heterogéneas en áreas de mejoramiento más acotadas y homogéneas; b) la caracterización y selección de cultivares con alta estabilidad y adaptabilidad en un amplio rango de condiciones ambientales y el conocimiento de la relación entre el comportamiento de diferentes cultivares mediante el uso de estadísticos paramétricos, no paramétricos, univariados y multivariados; y c) una comprensión de los ambientes que incluya el concepto de mega-ambiente (ME).

---

## MANEJO DE INFORMACIÓN PARA LA EVALUACIÓN DE GENOTIPOS

Suárez J.C. Consultor privado. Pergamino, Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: jcsuarez05@gmail.com

Nuestro país cuenta con una industria semillera de gran competitividad. Las empresas deben crear más y mejores genotipos para mantener su posición en el mercado. Por ello, la cantidad de experiencias implantadas para la evaluación de genotipos ha aumentado exponencialmente en los últimos años. Así, se cambió la orientación de la investigación en la especialidad: antes era fundamental

conseguir información sobre el comportamiento de los genotipos, y hoy hay tanta información disponible que importa acondicionarla y transformarla en conocimiento que nos permita seleccionar los genotipos adecuadamente. Es imprescindible para ello la utilización de Bases de Datos. La Interacción Genotipo-Ambiente complica la interpretación de la información y hace necesario estimar la Estabilidad y Adaptabilidad de los genotipos para evaluarlos fehacientemente. Para ello, se han creado métodos diversos, paramétricos, no paramétricos, univariados y multivariados. Cada uno presenta ventajas y defectos, desde los puntos de vista práctico y académico. Las limitaciones desde el punto de vista práctico, como comprender sus fundamentos e implementación, dificultan su difusión. Otra limitante es que son generalmente de matrices completas. Los métodos de matrices incompletas, como el de Múltiples Comparaciones con el Mejor, que estima la estabilidad en altos rendimientos y el de Rendimientos Relativos, son más sencillos de aplicar. Se presentarán ejemplos de comparaciones entre genotipos utilizando Aplicaciones de ACCESS, que es un sistema accesible de gestión de bases de datos de Microsoft.

---

## IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS SUPERIORES Y ESTABLES PARA CARACTERES AGRONÓMICOS EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES

Lúquez J. Unidad Integrada Balcarce, Balcarce, Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: luquez.julia@inta.gob.ar

Hoy en día, las condiciones climáticas cambiantes y la caída de las fronteras de las áreas tradicionales de los cultivos, hace que se generen grandes interacciones genotipo x ambiente (IGA) para caracteres de importancia agronómica, o dicho de otro modo, variaciones en el comportamiento relativo de los genotipos en evaluación en ambientes distintos debido a su heterogeneidad. En el mejoramiento genético, los efectos de la IGA sobre la estabilidad y la adaptabilidad son muy importantes porque cada cultivar tiene una capacidad diferente para responder a los cambios del ambiente. La superioridad para un carácter y su estabilidad no son mutuamente excluyentes. De los numerosos métodos que existen para estimar estabilidad y adaptabilidad, se utilizarán el de Shukla y el del Rendimiento Relativo para identificar genotipos estables y superiores para rendimiento de

grano en maíz, girasol, soja, colza y cebada evaluados en ensayos multiambientales, y se discutirán los resultados en función de las contribuciones que hacen los genotipos y los ambientes a la IGA, observando las coincidencias de los métodos.

---

## LOS CÓDIGOS DE BARRAS GENÉTICOS EN ARGENTINA: CONCEPTO, PRINCIPALES PROYECTOS Y APLICACIONES

Coordinadores: Márquez S.<sup>1</sup>, D. Lijtmaer<sup>2</sup>. <sup>1</sup>INBIOMA-CONICET.

<sup>2</sup>MACNBR-CONICET.

e-mail: smarquez@comahue-conicet.gob.ar

Dos cuestiones claves en Biología son la identificación de organismos y el avance en el descubrimiento de la enorme proporción de la biodiversidad que aún desconocemos. El desarrollo de los códigos de barras genéticos (*DNA barcodes*) durante la última década, es decir secuencias cortas y estandarizadas del genoma que tienen baja divergencia intraespecífica pero alta diferenciación entre especies, provee una herramienta genética que ha permitido un notorio avance en ambos aspectos. Además, la identificación rápida y eficiente de los organismos independientemente de su sexo, estado del ciclo de vida e incluso de si el ejemplar se encuentra o no completo permite una diversa gama de aplicaciones. El concepto de códigos de barras genéticos se originó a principios de la década pasada. A partir de las primeras publicaciones en el año 2003 y la creación de un consorcio para el desarrollo de esta tecnología, el proyecto fue creciendo e incluyendo numerosas instituciones. En el año 2010 se creó el *International Barcode of Life project* (iBOL), que incluye unos 30 países y tiene como objetivo generar 5 millones de códigos de barras genéticos para el año 2015. La Argentina, a través del CONICET, constituye un nodo regional del iBOL, teniendo un rol importante en el proyecto y en su desarrollo en nuestra región. En este simposio se presentará el concepto de códigos de barras genéticos, la organización del proyecto a nivel global, su rol y la organización en Argentina. Luego, se presentarán algunos de los principales proyectos a mayor escala que se están desarrollando en el país.

---

## INTRODUCCIÓN A LOS CÓDIGOS DE BARRAS GENÉTICOS Y AL PROYECTO INTERNACIONAL BARCODE OF LIFE (IBOL) EN ARGENTINA

Tubaro P.L. Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN- CONICET), Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: ptubaro@macn.gov.ar

Los códigos de barras genéticos (*DNA Barcodes*) son secuencias cortas de una porción estandarizada del genoma que sirven para identificar especies ya conocidas y ayudar al descubrimiento de otras nuevas. Si bien la idea de utilizar la secuencia de ADN con estos propósitos no es nueva, sí lo es el énfasis en la estandarización y el minimalismo, que sumado al avance tecnológico y bioinformático han permitido la escalabilidad de la técnica y sus aplicaciones forenses. Con la participación del MACN se creó hace 10 años el primer consorcio internacional (CBOL) para probar el concepto de *barcode*. Desde entonces, la Argentina ha participado activamente en la creación de las bibliotecas de *barcodes* de las aves (ABBI) y los peces (FISHBOL) del mundo. A partir de 2007 el CONICET se involucró directamente haciendo a la Argentina un Nodo Regional en el Proyecto Internacional de Códigos de Barras Genéticos (*iBOL Project*), cuyo objetivo es la obtención de 5 millones de secuencias *barcode* de las 500.000 especies de organismos de mayor importancia sanitaria, bioindicadora, de conservación, etc. Para ello el CONICET creó el Fondo iBOL Argentina que financia proyectos que preserven materiales aptos para estudios genéticos y 5 laboratorios para la extracción de ADN y amplificación de las secuencias *barcode*. Hasta el momento 106 proyectos han sido financiados por esta vía produciendo cerca de 20.000 *barcodes* en diversos *taxa*. Además, otras 25.000 secuencias de insectos han sido producidas durante 2014 en el marco del Programa Global de Trampas Malaise que forma parte de la iniciativa iBOL.

---

## EL CÓDIGO DE BARRAS DE LOS PECES DE ARGENTINA: 10 AÑOS DE INVESTIGACIÓN Y PERSPECTIVAS FUTURAS

Díaz de Astarloa J.M. Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMyC), CONICET- UNMDP, Mar del Plata, Argentina.  
e-mail: astarloa@mdp.edu.ar

La ictiofauna argentina, incluyendo el sector antártico, comprende alrededor de 1.150 especies. A partir de 2005 comenzó la participación activa de la Argentina en la campaña *Global FISHBOL* realizándose diferentes campañas de investigación, que permitieron una importante colecta de peces en todo el Mar Argentino,

desde la costa hasta el talud continental. Se sumaron entre 2011 y 2014 campañas en la región Antártica. A partir de 2010 se comenzó con los muestreos en aguas continentales. Actualmente la colección de peces y tejidos del IIMyC cuenta con más de 4.000 especímenes y 490 especies, representando cerca del 45% de las especies registradas para los ambientes marinos, continentales y del sector antártico argentino. Las primeras secuencias *barcodes* se obtuvieron íntegramente en el *Biodiversity Institute of Ontario*, Canadá. A partir del año 2010 únicamente la secuenciación se llevó a cabo allí. Los *barcodes* producidos han servido para poblar la biblioteca de referencia BOLD y probar su utilidad para la discriminación específica de peces de Argentina. Como resultado han surgido publicaciones que incluyen descripción de especies nuevas y estudios globales de su aplicación a nivel marino y continental. Las direcciones futuras comprenden principalmente continuar con la colecta de especímenes para ampliar la biblioteca de referencia de los peces de Argentina; proseguir con estudios taxonómicos en peces óseos y cartilaginosos utilizando *DNA barcoding* como herramienta complementaria; y profundizar en estudios aplicados vinculados con la trazabilidad de productos pesqueros.

## EXPLORANDO LA DIVERSIDAD DE LOS LEPIDÓPTEROS DE ARGENTINA MEDIANTE LOS CÓDIGOS DE BARRAS GENÉTICOS

Lavinia P.D.<sup>1</sup>, E.O. Nuñez Bustos<sup>1</sup>, C. Kopuchian<sup>1,2</sup>, D.A. Lijtmaer<sup>1</sup>, N.C. García<sup>1</sup>, P.L. Tubaro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN-CONICET), Argentina. <sup>2</sup>Centro de Ecología Aplicada del Litoral (CECOAL-CONICET), Argentina. e-mail: pablodlo23@gmail.com

Los lepidópteros constituyen el segundo grupo de insectos más diverso y representan más del 30% de las especies con secuencias en la biblioteca de códigos de barras genéticos. Sin embargo, hasta 2010 no existían proyectos que explorasen la diversidad de este grupo en Argentina, donde existen aproximadamente 1.300 especies de mariposas y aún no se cuenta con una cifra oficial de especies de polillas, aunque se estima que existen cerca de 37.000 especies en el Neotrópico. En este contexto, hemos comenzado a finales de 2010 un proyecto, aún en marcha, para obtener los códigos de barras genéticos de los lepidópteros de Argentina. El análisis de más de 2.400 secuencias de 800 especies de polillas y 1.900 secuencias de 400 especies de mariposas ha señalado que

la divergencia interespecífica en ambos grupos es entre 10 y 18 veces más alta que la divergencia intraespecífica. Sin embargo, también hemos hallado varios casos de alta divergencia intraespecífica, algunos asociados a patrones de estructuración geográfica y de pares de especies con baja distancia interespecífica. No obstante, ninguno de estos casos impidió una correcta identificación de las especies basada en las secuencias de COI. Estos resultados muestran que los códigos de barras de genéticos son una herramienta muy eficiente para la correcta identificación de las especies de lepidópteros de Argentina. Por último, este proyecto nos ha permitido obtener nuevos registros de especies para Argentina y explorar parte de la diversidad oculta de este grupo, especialmente dentro de las polillas.

## LOS CÓDIGOS DE BARRAS GENÉTICOS Y EL ESTUDIO DE LA DIVERSIFICACIÓN DE LAS AVES DEL CONO SUR DE SUDAMÉRICA

Lijtmaer D.A.<sup>1</sup>, A.S. Barreira<sup>1</sup>, C. Kopuchian<sup>1,2</sup>, P. Benites<sup>1</sup>, K.C.R. Kerr<sup>3</sup>, K. Naok<sup>4</sup>, I. Gómez<sup>4</sup>, P.L. Tubaro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN-CONICET), Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Centro de Ecología Aplicada del Litoral (CECOAL-CONICET), Corrientes, Argentina. <sup>3</sup>Toronto Zoo, Toronto, Canadá. <sup>4</sup>Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia. e-mail: dljltmaer@macn.gov.ar

La historia evolutiva del cono sur de Sudamérica ha sido mucho menos estudiada que la de otras regiones del Neotrópico, aún cuando es particularmente interesante por sus altas latitudes, la ocurrencia de los picos de mayor altitud de los Andes y la presencia de un variado ensamble de ambientes. La biblioteca de códigos de barras genéticos de las aves del cono sur permite utilizar a este grupo como modelo para estudiar los patrones de diversificación de la región. En este estudio se analizaron las secuencias de la citocromo c oxidasa I (COI) de 3.425 ejemplares pertenecientes a 730 especies de Argentina y Bolivia. La comparación con las aves del Neártico y de menores latitudes del Neotrópico mostró que el cono sur posee patrones intermedios entre ambas regiones, lo que estaría relacionado con la influencia de los ciclos glaciales y de factores más típicos del Neotrópico. La comparación entre diferentes áreas del cono sur mostró que las especies endémicas de la zona andino-patagónica son más jóvenes y menos variables que las más "tropicales" del extremo norte del cono sur. Este patrón es consistente con un rol más pronunciado de los ciclos glaciales en los Andes y la Patagonia, y un ambiente más estable al norte

de esta región, en donde predominarían otros factores de diversificación. Finalmente, el análisis de las especies con alta variabilidad (un 7% del total) mostró que un 80% de estos casos incluye linajes que podrían constituir especies no reconocidas cuyo estudio en mayor profundidad resultará en una mayor comprensión de la diversidad de aves en la región.

---

## SELECCIÓN GENÓMICA

Coordinador: Vilardi J.C. Laboratorio de Genética, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA. IECEBA-CONICET, Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: vilardi@ege.fcen.uba.ar

La información genómica creciente ofrece la oportunidad de incrementar la eficiencia de los programas de mejoramiento, especialmente en especies de prolongado intervalo generacional y/o baja tasa de reproducción. Por una parte, la saturación del mapa genético permite la identificación de marcadores asociados a rasgos de importancia productiva que pueden entonces ser seleccionados a edades tempranas. En especies donde la información genómica es aún limitada, un número relativamente bajo de marcadores hipervariables permite estimar el parentesco entre individuos coleccionados de poblaciones naturales. Esto permite predecir los valores reproductivos de los individuos muestreados mediante el método BLUP, reemplazando la matriz de coancestrías tradicionalmente basada en información genealógica por la que se obtiene a partir de la información molecular. En el presente simposio se presentan avances en la combinación de métodos de mejoramiento tradicionales con información proveniente de estudios genómicos en diferentes modelos biológicos, con distinto grado de avance en los conocimientos genómicos y con diferente historia en el proceso de domesticación. Se presentarán así los avances más recientes logrados en especies ganaderas, especies forestales establecidas en plantaciones comerciales (género *Eucalyptus*) y una especie forestal nativa (*Prosopis alba*) para la cuál está en desarrollo el establecimiento de ensayos de procedencias.

---

## SITUACIÓN ACTUAL DE LA UTILIZACIÓN DE LA INFORMACIÓN GENÓMICA EN EL SECTOR GANADERO DEL PAÍS

Poli M.A. Instituto de Genética "Ewald Favret", CICVyA-INTA, CC 25, B1712WAA-Castelar, Argentina.  
e-mail: poli.mario@inta.gob.ar

En los últimos 20 años el arsenal de herramientas genómicas maduró sustantivamente y produjo la disponibilidad de plataformas de alta producción para el genotipado y el secuenciado del ADN con tecnologías de nueva generación. La emergencia de la genómica como una nueva disciplina de principio de los 90', la cual podría allanar el camino hacia la utilización de marcadores a nivel del ADN en la cría animal, no fue lo suficientemente visualizada ni convincente para el sector ganadero hasta tanto ocurriera la aparición de los catálogos con los "toros genómicos" en bovinos para leche. La identificación animal, las pruebas de paternidad y la determinación de algunas variantes alélicas de genes involucrados en calidad de carne y defectos hereditarios en bovinos se estuvieron realizando desde hace algunos años en el país como servicio al sector ganadero. La utilización de arreglos de SNP para genotipado de bovinos comenzó en el año 2008 con un proyecto público-privado en bovinos para leche con registros de rasgos productivos y de dos enfermedades de interés. En el año 2012 una asociación de criadores de bovinos para carne protocolizó los pasos para la implementación de la estimación de las diferencias esperadas en la progenie enriquecidas con información a nivel del ADN, comenzando con el genotipado de animales. La asociación de criadores de Holando argentino formalizó un convenio con el laboratorio Zoetis para llevar a cabo el test genómico Clarifide®. En ovinos y caprinos la situación es muy incipiente limitándose a algunos proyectos de investigación en el sector público.

---

## USO CONJUNTO DE INFORMACIÓN FENOTÍPICA, DE PEDIGRÍ Y GENÓMICA EN LA EVALUACIÓN GENÉTICA FORESTAL

Cappa E.P. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Recursos Biológicos, Centro de Investigación en Recursos Naturales, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. CONICET.  
e-mail: cappa.eduardo@inta.gob.ar

En el mejoramiento genético forestal la selección usualmente esta representada por un gran número de progenies. En consecuencia, el costo de genotipado es un obstáculo para la implementación de la selección genómica. Un escenario más real debería incluir solo un sub-set de árboles genotipados y un menor número de marcadores genéticos por muestra. Luego, la tradicional matriz *A* de relaciones basada en el pedigrí, podría ser

reemplazada por la matriz  $H$  que combina dos tipos de información genética: 1) de pedigrí (matriz  $A$ ) para los árboles no genotipados, y 2) de relaciones genómicas (matriz  $G$ ) para los árboles genotipados. Se compararon los parámetros genéticos estimados y las exactitudes de los valores de cría (VCs) obtenidos con las matrices  $A$  y  $H$ , para diámetro a la altura del pecho (DAP) y altura total (AT) en un ensayo de progenies de *Eucalyptus grandis*. Se realizaron comparaciones para madres ( $n=164$ ), y progenies no genotipadas ( $n=1.843$ ) y genotipadas ( $n=184$ ) con 15 SSR. La matriz  $H$  mostró heredabilidades más altas que la matriz  $A$  (DAP: 0,186 vs. 0,157 y AT: 0,144 vs. 0,088), y mejores precisiones de los VCs para madres y progenies no genotipadas y genotipadas (del 11,5% al 92,6%). Los incrementos en la precisión fueron más evidentes en el carácter con menor heredabilidad (AT). La reducción del número de progenies genotipadas total y por familia, y el aumento de familias con progenies no genotipadas, disminuyó la exactitud de los VCs. La combinación de la información de pedigrí y genómica resultó ser más efectiva que la selección clásica basada sólo el pedigrí.

### ESTRATEGIAS DE SELECCIÓN GENÓMICA TEMPRANA EN POBLACIONES NATURALES DEL ALGARROBO BLANCO (*Prosopis alba*)

Vilardi J.C.<sup>1,2</sup>, C. Bessega<sup>1,2</sup>, C. Pometti<sup>1,2</sup>, M. Ewens<sup>3</sup>, B.O. Saidman<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>IEGEB- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina. <sup>3</sup>Estación Experimental Fernández, Departamento de Robles, Santiago del Estero, Argentina.

e-mail: vilardi@ege.fcen.uba.ar

*Prosopis alba* provee madera de calidad y frutos para forraje y alimentación humana. En Argentina la mayoría de los bosques naturales se han fragmentado por actividades antrópicas, incluyendo la explotación extractiva de recursos naturales y la expansión de la frontera agropecuaria. El manejo forestal orientado a la protección de los bosques nativos y proveer material para propagación implica un compromiso entre el mantenimiento de diversidad y la ganancia genética del material seleccionado. En nuestro laboratorio evaluamos escenarios de selección alternativos para obtener semillas de una población natural para iniciar un ensayo experimental, considerando los valores reproductivos (VR) predichos por G-BLUP, ponderando los posibles efectos de la endogamia y los tamaños muestrales.

El control de la coancestría evaluada por marcadores moleculares permitió reducir el tamaño muestral de 20 a 10 familias por procedencia sin incremento significativo de la endogamia y manteniendo la ganancia genética. El reemplazo de 2 individuos de un grupo *élite* de 10 reduce la coancestría del grupo un 70% afectando la ganancia en sólo 7%. El resultado de la selección simultánea de 2 rasgos aplicando un índice de selección produce una ganancia de aproximadamente 6% en altura y 2% en diámetro en la etapa inicial desde el material silvestre. La estrategia de selección temprana de árboles *élites* a partir de poblaciones naturales usando marcadores moleculares para evaluar la coancestría y predecir los valores reproductivos por G-BLUP puede reducir el número de ciclos de mejora en especies forestales.

### ACTUALIZACIÓN DE LA SELECCIÓN GENÓMICA EN POBLACIONES DE MEJORAMIENTO DE *Eucalyptus* LOCALES

García M.N.<sup>1,2</sup>, L. Ornella<sup>3</sup>, E.P. Cappa<sup>2,4</sup>, P.V. Villalba<sup>1,2</sup>, C.V. Acuña<sup>1</sup>, M.C. Martínez<sup>1</sup>, J. Oberschelp<sup>5</sup>, L. Harrand<sup>5</sup>, M.R. Surenciski<sup>5</sup>, J. López<sup>6</sup>, P.S. Pathauer<sup>4</sup>, M.A. Marcó<sup>6</sup>, H.E. Hopp<sup>1</sup>, S.N. Marcucci Poltri<sup>1</sup>. INTA-Castelar, Instituto de Biotecnología. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>3</sup>Nidera. <sup>4</sup>INTA-Castelar, Instituto de Recursos Biológicos. <sup>5</sup>EEA-INTA Concordia. <sup>6</sup>EEA-INTA Bella Vista.

e-mail: garcia.martin@inta.gob.ar

En especies forestales hay pocos reportes en selección genómica (SG) y en su mayoría están basados en simulaciones. Desde mediados de 2012, el INTA viene desarrollando estudios de concepto en ensayos de *Eucalyptus grandis* y *E. globulus*. Se evaluó el desempeño de seis metodologías de SG: 4 basadas en métodos de regresión (*reproducing kernel Hilbert space*; *Ridge Regression* (RR); *Bayesian LASSO* (BL) y *Random Forest Regression*) y 2 basadas en métodos de clasificación (*Random Forest Classification*; *Support Vector Classification* con kernel lineal), sobre un cruzamiento F1 de *E. grandis*, evaluados para altura (TH), diámetro (DBH) y densidad de madera (DB). En una población de *E. globulus* con ensayos instalados en Uruguay se evaluó la incidencia de las relaciones de parentesco en la precisión de la predicción de tres caracteres (DBH, DB y lignina Klason). Por otro lado, se evaluó la factibilidad de predecir DBH y DB a través de ambientes mediante modelos generados con dos poblaciones de *E. globulus* con ensayos instalados en Argentina y Uruguay. Se encontraron diferencias significativas entre las metodologías evaluadas para todos los caracteres y conjuntos de marcadores. El

mejor desempeño se obtuvo mediante BL y RR. En general, a mayor cantidad de marcadores, así como a mayor heredabilidad del carácter mayor es la precisión en la predicción. La presencia de medio hermanos entre poblaciones de entrenamiento y validación mejoró la precisión. El desempeño de los modelos desarrollados para la población de *E. globulus* de Argentina no fue extrapolable a la población de Uruguay y viceversa.

---

## GENÉTICA DEL CÁNCER

Coordinadora: Mampel A. Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, Hospital Universitario, Universidad Nacional de Cuyo.  
e-mail: amampel@hotmail.com.ar

El cáncer es una enfermedad multifactorial que resulta del efecto combinado de factores genéticos y ambientales. Aunque la mayoría de las neoplasias son esporádicas, existen casos que pueden ser incluidos en formas familiares y/o hereditarias. Estos últimos responden a mutaciones germinales en genes que incrementan la susceptibilidad a padecer cáncer. Esta predisposición se transmite entre los miembros de la familia respondiendo a los mecanismos de herencia mendeliana. La atención de las familias con cáncer hereditario requiere un manejo interdisciplinario que permite realizar una evaluación individual del riesgo de los distintos tipos tumorales y la solicitud de estudios moleculares. Mediante el consejo genético, los pacientes reciben información sobre el diagnóstico de certeza, la probabilidad de presentar una neoplasia y el riesgo para su descendencia. La identificación de familias con posibles formas de cáncer hereditario cobra importancia ya que sus miembros pueden beneficiarse de medidas eficaces de detección precoz, prevención de los tumores y estrategias terapéuticas específicas para cada paciente.

---

## CÁNCER DE COLON POLIPÓSICO Y NO POLIPÓSICO

Mampel A. Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, Hospital Universitario, Universidad Nacional de Cuyo.  
e-mail: amampel@hotmail.com.ar

El Cáncer Colorrectal (CCR) es uno de los tumores de mayor incidencia y mortalidad a nivel mundial ocupando el tercer lugar entre los tumores malignos y la segunda causa de muerte por cáncer en Argentina. Se observa una mayor incidencia en varones mayores de 50 años. La etiopatogenia del CCR involucra la interacción

de factores genéticos y ambientales. El 75% de los casos corresponden a formas esporádicas y 25% presenta una agregación familiar, incluyéndose entre estos últimos las formas hereditarias que conforman un 5-10%. Los equipos de evaluación clínica deben reunir especialistas en gastroenterología, oncología, cirugía y genética que permitan estudiar los casos y aplicar, según corresponda, las herramientas disponibles como la inmunohistoquímica, inestabilidad de microsatélites, detección de deleciones y secuenciación. Una adecuada integración de los recursos clínicos y estudios complementarios favorecerá la posibilidad de realizar diagnósticos de certeza e identificar síndromes genéticos específicos. Asimismo, permitirá establecer las conductas de seguimiento/tratamiento más adecuadas para cada caso y brindar asesoramiento genético al paciente y sus familias.

---

## BASES GENÉTICAS DE TUMORES CARTILAGINOSOS DEBIDOS A EXT1/EXT2-CDG

Asteggiano C.G. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Centro de Estudio de las Metabolopatías Congénitas (CEMECO), Universidad Nacional de Córdoba. Cátedra de Farmacología, Fac. de Medicina, Universidad Católica de Córdoba, Córdoba, Argentina.  
e-mail: asteggianocarla@hotmail.com

La Osteocondromatosis Múltiple Hereditaria (OM), es un defecto genético en la formación de O-glicoconjugados y ha sido clasificada dentro del grupo de patologías debidas a Desórdenes Congénitos de la Glicosilación (CDG), con el nombre de EXT1/EXT2-CDG. Su herencia es autosómica dominante, presentando manifestaciones clínicas restringidas a cartílago y caracterizada por la formación de tumores benignos cartilagosos (ostecondromas) localizados principalmente en los huesos largos. Los genes EXT1(8q24) y EXT2(11p11-p13) son genes supresores de tumores que codifican glicosiltransferasas involucradas en la elongación de heparán sulfato (HS). Mutaciones en estos genes alteran la síntesis de HS en la placa de crecimiento endocondral conduciendo a la formación de osteocondromas. La osteocondromatosis también puede presentarse con lesiones solitarias (OS) siendo no hereditario. La complicación más severa es la transformación maligna a condrosarcoma secundario periférico, que es un tumor maligno que constituye el 15% de los condrosarcomas y es el tercer tumor óseo maligno más frecuente en adultos, después del mieloma

de del osteosarcoma. La transformación maligna desde un osteocondroma a un condrosarcoma secundario periférico se estima que ocurre en un 1–3% de los pacientes con osteocondromatosis múltiple y en <1% de pacientes con osteocondromas solitarios.

---

## ASESORAMIENTO GENÉTICO EN CÁNCER DE MAMA

Alba L. Centro Nacional de Genética Médica "Dr. Eduardo Castilla", A.N.L.I.S. "Dr. Carlos G. Malbrán", Ministerio de Salud de la Nación.  
e-mail: lilianagalba@gmail.com

El asesoramiento genético es un proceso a través del cual se informa al consultante y a su familia, la posibilidad de padecer o transmitir una patología de causa total o parcialmente genética y las posibilidades de prevenirla o de aminorar sus consecuencias. En el caso de los diagnósticos pre-sintomáticos esto se hace aún más complejo, ya que nos encontramos frente a individuos sanos, al momento de la consulta, y mucho más en el caso de cáncer que esta asociado en el colectivo a "riesgo de vida". Es fundamental por ello tener entrevistas de asesoramiento genético previo a la realización de los estudios a fin de que la familia pueda entender los alcances del mismo y los posibles beneficios que puede obtener, hacer una buena evaluación de la genealogía e identificar al individuo que pueda ser más informativo y habilite después al estudio de otros familiares en riesgo. Así como una entrevista de entrega del resultado para asesorar además de los seguimientos más adecuados.

---

## LA IMPORTANCIA DE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS

Coordinadora: Melucci L.M. Unidad Integrada: EEA INTA, Balcarce, Fac. Cs. Agr., UNMdP  
e-mail: melucci.lilia@inta.gob.ar

La situación actual de la biodiversidad es el resultado de la acción del hombre durante miles de años. La FAO informa que la cantidad de Recursos Genéticos Animales (RGA) que se extinguen anualmente es grande, aproximadamente 50 razas por año. Las principales causas de pérdida de estos RGA comprenden entre otras, la introducción de material genético exótico a consecuencia de sus más altos rendimientos productivos, la falta de políticas ganaderas, los cambios en las demandas de los mercados. Ante tal situación los diferentes países han implementado diversas acciones de conservación de los RGA atendiendo

fundamentalmente a la seguridad alimentaria futura, al desarrollo social y en muchos casos respondiendo a argumentos culturales. Sin embargo, los fondos públicos no son infinitos y esto lleva a que principalmente en los países en desarrollo poco se invierta en el tema. En este sentido, una mayor cooperación internacional podría mejorar la gestión de los recursos genéticos compartidos. Se analizarán aspectos relacionados a la conservación de los RGA a través del enfoque participativo con las comunidades de los pueblos originarios, la incidencia de germoplasma foráneo sobre las estructuras de cría de los países y las acciones implementadas en algunos países.

---

## RECURSOS GENÉTICOS LOCALES: CARACTERIZACIÓN Y VALORACIÓN DE RUMIANTES MENORES EN FORMOSA

de la Rosa S. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste.  
e-mail: sebastiandelarosa@yahoo.com.ar

El Centro de Validación de Tecnologías Agropecuarias y la Facultad de Veterinaria de la UNNE, llevan adelante la caracterización completa de caprinos y ovinos locales del oeste de la provincia de Formosa. En ambas especies se ha realizado la caracterización fenotípica, demográfica y de los sistemas de producción. En caprinos se ha realizado además la caracterización genética por marcadores moleculares y la productiva a través de registros del plantel *ex situ*, iniciándose a partir de este año el seguimiento en plantales *in situ*, de reciente formación. Se trabaja en un plan de mejora a partir de la propuesta de un estándar racial. En ovinos se han evaluado caracteres del vellón y se ha muestreado la población para la caracterización genética, se ha conformado un plantel *ex situ* para realizar la caracterización productiva. Como un aporte para garantizar la conservación de estos recursos genéticos, se trabaja en la valorización de los mismos a través de la difusión de sus características y el agregado de valor de sus productos. El enfoque participativo y de género es fundamental, ya que se han rescatado saberes ancestrales a partir del trabajo con las ancianas de las comunidades involucradas.

---

## LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA RAZA MERINO

Vozzi A.<sup>1</sup>, Mueller J.<sup>2</sup>. <sup>1</sup>INTA-EEA Chubut. <sup>2</sup>INTA-EEA Bariloche.  
e-mail: vozzi.pedro@inta.gob.ar, mueller.joaquin@inta.gob.ar

La raza Merino constituye un recurso genético estratégico para la Patagonia Argentina. La distribución de la raza a lo largo y a lo ancho de la Patagonia determina impactos territoriales, sociales y económicos de distinta índole, donde diferentes estratos de productores la utilizan como principal herramienta de sustento y desarrollo en los sistemas ganaderos predominantes en esa región. Zootécnicamente la raza Merino se caracteriza por ser la raza lanera por excelencia y por adaptarse a diversos climas y ambientes, lo que determinó su amplia distribución mundial. Los programas de mejora genética poseen estructuras piramidales, donde las decisiones de selección se toman en los estratos superiores repercutiendo posteriormente en las majadas comerciales. Como herramientas de selección en Argentina se utiliza frecuentemente la incorporación de genética (reproductores en pie, semen y embriones) principalmente desde Australia, la selección utilizando información genética (Servicio Pro-Ovino), la selección fenotípica, o una combinación de todas las estrategias mencionadas. Se discuten aspectos relacionados a la variabilidad genética en la raza Merino detectada por métodos cuantitativos, las estrategias de selección y mantenimiento de la variabilidad genética y su posible impacto en los programas de mejora genética.

---

## ACTIVIDADES DE CONSERVACIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMALES EN PORTUGAL

Nuno Carolino. Instituto Nacional I de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Vale de Santarém, Portugal. Escola Universitária Vasco da Gama, Coimbra, Portugal. CIISA-Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lisboa. Lisboa, Portugal.  
e-mail: nuno.carolino@iniav.pt, carolinonuno@sapo.pt

Con no más de 92.000 km<sup>2</sup>, Portugal esta en una de las regiones denominadas “hotspots de biodiversidad” debido a su gran diversidad de recursos zoogenéticos, en parte, representada en 47 razas autóctonas reconocidas oficialmente: 15 razas bovinas, 15 ovinas, 6 de caprinos, 3 de cerdos, 3 de equinos, 4 de gallináceos y 1 de asininos. Aunque la conservación y mejora de este patrimonio genético excepcional sea una prioridad que es reconocida oficialmente desde hace varios años, tanto en las sucesivas políticas nacionales, como europeas, por diversas razones, la mayoría de las razas autóctonas portuguesas se clasifican “en riesgo de extinción”. Las estrategias de conservación *in situ* y *ex situ* de las razas autóctonas, que se inició en Portugal

en la segunda mitad del siglo XX, han sido muy variadas, sea mediante las acciones implementadas, sea en el impacto que tienen en la conservación, pudiendo destacarse, entre otras, la organización de los libros genealógicos y el establecimiento de asociaciones de ganaderos, actividades de cooperación y colaboración nacionales e internacionales, programas nacionales con medidas específicas en favor de la conservación, creación del banco portugués de germoplasma animal, formación de sociedades técnicas y científicas sobre los recursos zoogenéticos, apoyo en la IE&D, creación de métodos de calificación y registro de los productos, creación de organizaciones de productores, implementación de programas específicos de conservación *in situ* y *ex situ*, entre otras.

---

## ORIGEN DE LA GALLINA MAPUCHE, ¿QUÉ SABEMOS HASTA AHORA?

Alcalde J. Pontificia Universidad Católica de Chile.  
e-mail: jalcalde@uc.cl

El primer testimonio escrito de la presencia de la Gallina Mapuche en Chile en 1880 durante la “pacificación de la Araucanía”, da cuenta de gallinas colloncas y quetros en comunidades de reconocidos caciques. Tras verlas en Chile en 1914, Salvador Castelló las dio a conocer en el Primer Congreso Mundial de Avicultura de 1921 en La Haya. Posterior difusión de la raza en *National Geographic* de 1927 despertó gran interés y en los años 30 se exportaron ejemplares a EEUU y Europa iniciándose planteles de crianza y posterior fundación de clubes de aficionados. Estudios de la herencia de anuropigidia (ausencia de cola) y de aretes, caracteres maladaptativos que definen la raza, indican que éstos debieron ser seleccionados positivamente por los Mapuche para estar presentes en ejemplares actuales. La estructura del gen del huevo azul hace pensar que la mutación es relativamente reciente, pudiendo tener entre 300 y mil años de antigüedad. Relatos Mapuche indican que esta ave ha estado asociada al Pueblo Mapuche desde tiempos remotos. En 2005 Daniel Quiroz encontró los primeros huesos precolombinos de toda América, en la costa de Arauco, Chile, posiblemente relacionados al origen de gallina Mapuche. Se debate si el haplotipo E1 de mtDNA al que pertenecen estos huesos es diferente de los del haplogrupo E de razas europeas que llegaron con los conquistadores, y si ambos provendrían por rutas opuestas de la India como centro de domesticación. El haplogrupo

D propuesto como característicamente polinesio no ha sido hallado en ejemplares de Sudamérica.

---

## EPIGENÉTICA

Coordinador: Masuelli R.W. Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM-CONICET), Cátedra de Genética (FCA-UNCuyo), INTA. Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM-CONICET). e-mail: rmasuelli@gmail.com

No toda la información genética se encuentra almacenada en el ADN. Variaciones heredables en los patrones de expresión génica se pueden producir debido a mecanismos epigenéticos con total ausencia de variabilidad genética. El término epigenética se refiere a cambios heredables en el fenotipo, y por lo tanto, en la regulación génica que no son causados por alteraciones en la secuencia del ADN. Entre los mecanismos epigenéticos descritos que regulan la actividad génica en respuesta a estímulos externos e internos se puede mencionar la metilación del ADN, la modificación de histonas y la regulación por pequeños RNAs. Si bien varios de los fenómenos epigenéticos fueron primeramente descritos en plantas, estos luego se observaron, con algunas diferencias, en mamíferos. Los últimos avances de las investigaciones en epigenética demostraron la importancia que la regulación epigenética tiene en relación a la integridad del genoma, la respuesta a estreses bióticos y abióticos, el control de distintos procesos de desarrollo, la variabilidad natural, la plasticidad fenotípica y en la herencia transgeneracional de cambios inducidos por el ambiente. El objetivo del simposio es presentar resultados de investigaciones en el campo de la epigenética tanto en plantas como mamíferos.

---

## AN EPIGENETIC MEMORY EFFECT IN NORWAY SPRUCE (*Picea abies*) WITH IMPLICATIONS FOR CLIMATIC ADAPTATION

Skroppa T., I. Yakovlev, H. Kvaalen, A. Steffenrem. Norwegian Forest and Landscape Institute, PO Box 115, 1431 Ås, Norway. e-mail: tore.skroppa@skogoglandskap.no

We have in our research during the last 30 years repeatedly found that Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst. can rapidly adjust its adaptive performance, probably through an epigenetic mechanism. This appears to employ a kind of long-term memory of temperature sum and (probably) photoperiod from the time of its embryo development.

In our research we made identical controlled crosses and produced seed lots under controlled temperature and day-length conditions and later observed phenology, growth and hardiness traits in the progenies. It was repeatedly found that temperature conditions during seed set, in particular, influence the phenotypes of the offspring; seedlings from seeds produced under warm conditions have later terminal bud set and reduced autumn frost hardiness than those from seed produced under colder conditions, and thus perform like a more southern provenance. When embryonic clones were derived from mature zygotic embryos and were cultured at different temperatures, the plants cultured under warm *in vitro* temperature were the last to set bud and grew taller than those cultured at lower temperatures. Progenies produced in Norway by Central European mother trees had a bud set curve skewed towards that of the local Norwegian performance. A comparison of the performance of seedlings from seeds collected in the same provenance regions in 1970 and 2006 shows that the more recent seed lots consistently produce taller seedlings with a later bud set, probably due to higher temperatures during seed production in 2006. The effect of reproductive environment has been shown to persist for years. It mimics the variation between provenances from different latitudes and altitudes and may explain much of the observed variability in bud set and early height growth between natural populations of Norway spruce. The observed phenomenon suggests an epigenetic mechanism in the developing embryo, either zygotic or somatic, that senses environmental signals such as temperature and influences adaptive traits. Research is underway to understand the molecular basis of this mechanism. It shows that the epigenetic memory is associated with transcriptional changes. We have found distinct differences in transcriptomes between genetic identical embryonic tissues grown under two epitype-inducing temperatures, suggesting temperature-dependent canalization of gene expression during epitype formation. We will discuss the implications of this epigenetic phenomenon for the interpretation of provenance differences, for tree breeding and gene conservation and for its possible role in adaptation to climate change.

---

## ALTERACIONES EPIGENÉTICAS EN LA TUMORIGÉNESIS MAMARIA

Roqué M., S. Laurito, T. Branham, E. Campoy, G. Urrutia. IHEM-CCT-

CONICET Mendoza y Universidad Nacional de Cuyo.  
e-mail: mroque@fcm.uncu.edu.ar

A diferencia del genoma que es estable y conservado, el EPIGENOMA de una célula normal es dinámico y flexible. En una estrecha vinculación con el entorno, hoy se postula al EPIGENOMA como la interfase entre el ambiente y el fenotipo, en un sorprendente retorno a corrientes lamarckianas. Términos como “nutri-epigenoma”, “epigenoma del stress”, “epigenoma deportista”, sugieren el rol de factores externos en la expresión génica. Un mecanismo tan dinámico tiene como contracara un mayor riesgo a perder regulación. La alteración de este dinamismo epigenético se asocia con patologías humanas como el cáncer. Hoy no alcanza la genética clásica para explicar los procesos tumorigénicos. Durante la progresión carcinogénica se acumulan tanto alteraciones genéticas como epigenéticas que generan un transcriptoma característico de una célula tumoral. En Argentina se detectan 18.000 casos nuevos de cáncer de mama por año, siendo Mendoza y San Luis las provincias con mayor tasa de mortalidad por esta enfermedad. Nuestro grupo pretende comprender el rol de la epigenética en tumores mamarios de nuestra región, estudiando las alteraciones en el METILOMA. Nuestro propósito es identificar marcadores que tengan valor pronóstico y/o permitan predecir la respuesta a tratamiento. Estamos convencidos de que tumores de nuestra región pueden diferir epigenéticamente de poblaciones con otros hábitos. Comprender el rol de la desregulación epigenética en el cáncer de mama permite contribuir a mejorar la medicina personalizada para esta enfermedad.

---

## CAMBIOS EPIGENÉTICOS INDUCIDOS POR FACTORES AMBIENTALES Y MANEJO QUE AFECTAN LA PRODUCCIÓN DE LECHE

Gigli I. Producción e Industria Lechera, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de La Pampa (UNLPam).  
e-mail: igigli@agro.unlpam.edu.ar

La influencia de factores ambientales y de manejo sobre la producción de leche se conoce hace mucho tiempo, sin embargo los mecanismos de expresión génica y epigenético que se producen como respuesta a éstos comenzaron a comprenderse en los últimos años. Los efectos causados por factores externos pueden desencadenarse incluso antes de comenzada la fase de lactación. Durante el parto, el estrés calórico y fotoperiodo (días cortos)

inducen cambios en la condensación de la cromatina que afectan la lactación futura inmediata, el primero de manera negativa y el segundo positivamente. También se observan cambios epigenéticos en la lactación en curso. La frecuencia de ordeño altera la metilación de la región de regulación del gen caseína alfa S1 (*CSN1S1*). El aumento de la producción de leche observado por el incremento de la frecuencia de ordeño (de dos a tres veces diarias), continúa incluso cuando se reduce de tres a dos ordeños diarios más tarde en la lactancia. Otro ejemplo interesante es la mastitis. La infección de la glándula mamaria induce aumento de la metilación de las islas CpG, asociado a una disminución de la expresión de *CSN1S1*. Estos cambios evidencian que la calidad de la leche se ve afectada no solo por los procesos inflamatorios debidos a las infecciones de la glándula mamaria, sino que también por mecanismos asociados directamente con la expresión de proteínas. El conocimiento de la regulación génica durante la lactación ayudará en el diseño de nuevas tecnologías y estrategias de manejo para lograr una producción sustentable con bienestar animal.

---

## VARIABILIDAD GENÉTICA Y EPIGENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES DE ESPECIES TUBEROSAS DE *Solanum*

Masuelli R.<sup>1,2</sup>, C. Marfil<sup>1</sup>, N. Cara<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM-CONICET), Cátedra de Genética (FCA-UNCuyo), INTA. <sup>2</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM-CONICET).  
e-mail: rmasuelli@gmail.com

Las especies tuberosas de *Solanum* presentan una amplia variación fenotípica, adaptándose a ambientes tan diversos como zonas altas a más de 3.000 m en los Andes, montes semi-áridos, bosques lluviosos y a nivel del mar en zonas costeras a lo largo del continente Americano desde el sur de Estados Unidos hasta el sur de Chile y Argentina. Esta variabilidad fenotípica no siempre va acompañada de variación genética. A través del análisis de marcadores moleculares se observó que genotipos similares a nivel genético presentaban una amplia variación epigenética que se correlacionaba con la variación morfológica observada. Muchas de estas especies se originaron por hibridación interespecífica disparando cambios genéticos y epigenéticos, tales como modificaciones en los patrones de metilación, que influyen sobre la plasticidad fenotípica y la adaptación de los híbridos. En híbridos naturales de reciente formación observamos que la variación

morfológica presentaba una mayor correlación con los patrones epigenéticos que con los genéticos. El análisis bayesiano de los patrones genéticos y epigenéticos mezcla los genotipos parentales e híbridos sin diferenciarlos, sin embargo los patrones epigenéticos ubicaban al híbrido en un grupo específico diferenciado de los genotipos parentales con bajo nivel de mezcla. Estos resultados sugieren que después del evento de hibridación se establecen nuevos patrones epigenéticos que pueden influir en la plasticidad fenotípica y la adaptación de los híbridos a nuevos ambientes.

---

## TRASTORNOS DEL DESARROLLO

Coordinadora: Ávila S. Servicio de Genética Hospital Provincial Neuquén, Universidad Nacional del Comahue.

e-mail: silvia347@gmail.com

El estudio y el abordaje de los pacientes con discapacidad mental representan por su frecuencia, un verdadero problema de salud pública a nivel internacional y un gran desafío para el equipo de salud y los investigadores básicos. En los últimos años, la discapacidad mental ha reemplazado como concepto al de retardo mental; involucra tres dominios: inteligencia, comportamiento adaptativo y habilidades de interacción social. De manera práctica podemos caracterizarla por la presencia de limitaciones significativas de las funciones intelectuales o adaptativas. Las manifestaciones pueden englobar todos o algunos de los siguientes aspectos: motricidad fina o gruesa, lenguaje, cognitiva, social-personal, autovalimiento para las tareas de la vida cotidiana. Revisaremos los aspectos clínicos esenciales de las discapacidades intelectuales en general y de uno de ellos en particular, el trastorno del Espectro Autista, así como las nuevas herramientas diagnósticas disponibles en la actualidad.

---

## EVALUACIÓN DE LA DISABILIDAD MENTAL DE ORIGEN GENÉTICO

Torrado M.V. Servicio de Genética Hospital Garrahan, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: mtorrado@fibertel.com.ar

La discapacidad mental (DM), antiguamente denominada retardo mental fue definida como una significativa disminución de la función intelectual y un déficit de la conducta adaptativa que se manifiestan durante el desarrollo. Prevalencia: 1 al 3% de la población; es el

motivo de consulta más frecuente en los Servicios de Genética del área pediátrica. De etiología heterogénea, desde factores ambientales a genéticos o parcialmente genéticos. Existen diversas clasificaciones: según grado de cociente intelectual determinado por test psicométricos; asociada o no con dismorfias, según etiología y según mecanismos genéticos involucrados. Un gran porcentaje de la DM tiene una clara etiología genética y predomina en varones. La evaluación genética es indispensable a fin de establecer diagnóstico, etiología, riesgo de recurrencia familiar y proponer un adecuado abordaje terapéutico. Desde el punto de vista clínico se dispone de una gran batería de procedimientos: anamnesis, genealogía, examen físico, estudios psicométricos, puntajes clínicos, programas de búsqueda en bases de datos, estudios complementarios variados. Como herramienta final, estudios específicos de laboratorio: cromosómicos y moleculares. Existen diferentes algoritmos diagnósticos adaptados a la posibilidad de acceder a las tecnologías adecuadas y reajustables a futuro. El genetista debe conocer los recursos de laboratorio actuales, disponibilidad, sus limitaciones y efectuar una criteriosa evaluación costo beneficio. El correcto diagnóstico, con futuros conocimientos de las funciones de los genes comprometidos, permitirá el empleo de terapéuticas adecuadas a cada paciente.

---

## TRASTORNOS DEL ESPECTRO AUTISTA. EPIDEMIOLOGÍA, DIAGNÓSTICO, ASPECTOS MOLECULARES

Arberas C.L. Sección Genética Médica Hospital de Niños "Dr. R. Gutiérrez", Buenos Aires, Argentina. e-mail: carberas@gmail.com

Los Trastornos del Espectro Autista (TEA) constituyen un grupo de entidades englobadas en los Trastornos del Desarrollo Neurológico, según el DSM5; 2014. Se estima que la prevalencia actual es de 1 cada 68 niños, lo que implica una demanda importante de atención en los Servicios de Genética pediátrica. Presentan una relación global entre varones y mujeres de 4 a 1. Los signos clínicos capitales característicos son: déficit en la cognición social y comunicación, intereses restringidos y comportamientos repetitivos. El diagnóstico inicial debe ser lo más precoz y certero posible, a fin de proveer la orientación terapéutica adecuada, y brindar el asesoramiento genético conveniente. Los TEA en asociación con entidades médicas reconocidas, tanto defectos cromosómicos, monogénicos y secundarios a factores ambientales deben

ser diferenciados de las formas primarias, consecuencia a alteraciones genéticas complejas y epigenéticas abren un camino para nuevos abordajes diagnósticos, moleculares y terapéuticos. Con una heredabilidad del 90%, la búsqueda de factores genéticos ha sido de ayuda para comprender las bases moleculares subyacentes. Estos han permitido encontrar genes candidatos que correlacionan con fenotipos específicos tales como la del/dup del 16p11.2, mutaciones y dup del MECp2, NLGN3 y 4, SHANK3, TSC1 y 2, PTEN, UBE3A, entre muchos otros genes que intervienen en el desarrollo del sistema nervioso central, a nivel de la sinaptogénesis, la conformación de redes neuronales, la apoptosis, etc. Es importante establecer un algoritmo de diagnóstico, a fin de poder encuadrar a cada paciente en un fenotipo específico y determinar en consecuencia un pronóstico y un abordaje terapéutico a la medida del paciente.

---

### **ESTRATEGIAS DIAGNÓSTICAS EN DISCAPACIDAD INTELECTUAL, ANOMALÍAS CONGÉNITAS Y TRASTORNOS DEL ESPECTRO AUTISTA**

Lapunzina P. INGEMM, Instituto de Genética Médica y Molecular, IdiPAZ-CIBERER, Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras, ISCIII, Madrid, España.

e-mail: plapunzina@salud.madrid.org

La discapacidad intelectual (DI), las anomalías congénitas múltiples (ACM) y los trastornos del espectro autista (TAE) constituyen las causas más frecuentes de consulta en un Servicio de Genética. Los tres grupos de patologías considerados en conjunto son el 80% de las consultas de los Servicios de Genética de los Hospitales Pediátricos y aproximadamente el 50% en los Hospitales Generales. Los microarrays basados en la hibridación genómica comparada (CGH array: aCGH) o los arrays de SNPs son una técnica relativamente nueva que se emplea para el análisis del genoma para la búsqueda de ganancias y pérdidas de material cromosómico. Este método tiene una resolución y un rendimiento clínico mayor que técnicas de citogenética clásica. Los aCGH han demostrado ser una herramienta muy útil en la detección de desequilibrios cromosómicos en una amplia gama de trastornos, como DI, AC múltiples, TEA y otros. La Secuenciación masiva de nueva generación (*Next Generation Sequencing*; NGS) define una serie de nuevas tecnologías que han revolucionado los campos de la

investigación básica y clínica, y ya se han incorporado a la asistencia. NGS es una potente herramienta para el estudio de la variación genética, proporcionando una secuenciación rápida y completa de un conjunto de genes candidatos, del exoma completo o incluso la totalidad del genoma. La combinación de las técnicas de captura de exomas y NGS ha permitido el descubrimiento de nuevos genes en algunas enfermedades raras autosómicas y complejas. En esta ponencia abordaremos las herramientas actuales de diagnóstico de las patologías más frecuentes de base genética: DI, ACM y los TAE, con el objetivo de actualizar el enfoque diagnóstico de estas enfermedades y la optimización de los recursos diagnósticos actuales de alto rendimiento.

---

### **BIOSEGURIDAD DE ORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS (OGM)**

Coordinadora: Lewi D.M. Instituto de Genética E.A. Favret, CICVyA-INTA.

e-mail: lewi.daliamarcela@inta.gov.ar

En nuestro país contamos desde 1991 con un sólido sistema regulatorio en materia de evaluación de OGM que gestiona en el Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca de La Nación. La CONABIA (Comisión Nacional Asesora en Biotecnología Agropecuaria) evalúa todo lo referente a la bioseguridad ambiental, la Dirección de Calidad Agroalimentaria del SENASA (Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria) evalúa la inocuidad alimentaria y la Dirección de Mercados lo correspondiente a la conveniencia o no de aprobar un evento en relación a cómo puede repercutir en las exportaciones de granos y subproductos. Hasta el momento los eventos que se aprobaron para su producción, comercialización y consumo provienen del ámbito privado internacional. Actualmente existen desarrollos de eventos en instituciones públicas así como en empresas locales. Este Simposio tiene como objetivo difundir las normativas, procedimientos y criterios existentes para el manejo bioseguro y la desregulación de los eventos de manera de acercar estos conocimientos a los científicos y desarrolladores locales.

---

### **BIOSEGURIDAD DE LOS ORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS (OGM) EN ARGENTINA**

Godoy P.P. Dirección de Biotecnología, Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca de la Nación.

e-mail: perlagodoy@yahoo.com.ar

A partir de 1991 comenzó a haber un fuerte interés de los sectores públicos y privados en realizar actividades con organismos genéticamente modificados (OGM), en particular con vegetales. Fue así que el 24 de octubre de 1991 se creó la Comisión Nacional Asesora de Biotecnología Agropecuaria (CONABIA) en el seno de la entonces Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca. Sus funciones son asesorar a dicha Secretaría sobre los requisitos técnicos y de bioseguridad que deberán cumplir las actividades que se realicen en el país con OGM. En la Argentina, se establecen normas de bioseguridad para garantizar que el organismo genéticamente modificado (OGM) de uso agropecuario y los productos derivados de éste no produzcan sobre el agroecosistema o la salud de personas y animales efectos distintos de los esperados de su homólogo convencional. El método utilizado para realizar la evaluación de bioseguridad es el análisis de riesgo, que consta de tres partes, la evaluación, el manejo y la comunicación de riesgo. Desde el año 1992 a la fecha las normas de bioseguridad para el agroecosistema se han ido actualizando, como consecuencia de la experiencia adquirida por el uso de las mismas, por las diferentes actividades que se realizan con los OGM, siempre teniendo en cuenta el estado actual de los conocimientos. Las normativas específicas vigentes que regulan las diferentes actividades con OGM son para Animales, Vegetales, Microorganismos e Invernáculos.

---

## **EVALUACIÓN DE LA APTITUD ALIMENTARIA DE ORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS EN ARGENTINA**

Maggi A. Dirección de Calidad Agroalimentaria-SENASA.  
e-mail: amaggi@senasa.gov.ar

Desde la puesta en el mercado del primer evento transgénico en el año 1996, Argentina posee un sólido marco regulatorio con el fin de determinar la aptitud alimentaria de organismos genéticamente modificados. En las evaluaciones de riesgo de eventos se procura detectar la presencia de cualquier tipo de efectos no intencionales que podrían surgir por efecto de la modificación genética, y descartar impactos adversos para la salud y nutrición tanto de humanos como animales, sobre la base de un enfoque comparativo con la contraparte convencional. En ese sentido, se determina la equivalencia substancial

del evento, analizando estudios de composición cuali-cuantitativa con los analitos más importantes para la especie en cuestión, y se revisan los ensayos nutricionales realizados con el transgénico para determinar la capacidad nutritiva el mismo. A su vez, se evalúan estudios que brindan información acerca de la seguridad de las proteínas de nueva expresión, en relación a potenciales efectos tóxicos o alergénicos. Estas evaluaciones de aptitud alimentaria se realizan caso a caso, y los criterios de evaluación y las decisiones se toman en función del "Peso de la Evidencia" presentada por el desarrollador a la oficina regulatoria del SENASA. El objetivo final de la evaluación de los organismos genéticamente modificados es determinar que el OGM y sus alimentos derivados son tan seguros y no menos nutritivos que su contraparte convencional.

---

## **ACTIVIDADES EN INVERNÁCULO DE BIOSEGURIDAD BAJO NORMAS VIGENTES CON OVGGM EN EL IGEAF, INTA**

Gómez M.C. Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA-INTA.  
e-mail: gomez.maria@inta.gob.ar

En el año 2012, la Secretaría de Agricultura del Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca de la Nación estableció, por Resolución 241/2012, los lineamientos para la autorización de las actividades que se llevan a cabo en invernáculos de bioseguridad con organismos vegetales genéticamente modificados (OVGM) desarrollados en el país. Tales autorizaciones son otorgadas por dicha Secretaría y evaluadas por la Dirección de Biotecnología y la Comisión Nacional Asesora de Biotecnología Agropecuaria (CONABIA), realizándose la habilitación del invernáculo bajo la inspección física de las instalaciones. Desde diciembre de ese año, en el marco de los 180 días de plazo que la norma otorgaba para la obtención de la autorización de las actividades con OVGGM regulados, en el invernáculo de bioseguridad del Instituto de Genética estamos trabajando bajo los lineamientos de la norma con especies de interés agronómico como maíz, trigo, soja, alfalfa y algodón. Las plantas transgénicas y las actividades reguladas que allí se realizan como: polinizaciones controladas, cosecha y determinación de rendimiento, poda y descarte de material regulado, determinaciones moleculares y fisiológicas, corresponden a proyectos propios de la institución y a convenios de vinculación con otros organismos. Cabe destacar que en el IGEAF desarrollamos y evaluamos OVGGM desde hace dos décadas.

## PAPAS RESISTENTES AL VIRUS PVY: EL DESAFÍO BIOTECNOLÓGICO DE SIDUS-TECNOPLANT

Rudoy V. SIDUS-Tecnoplant. e-mail: v.rudoy@sidus.com.ar

La empresa argentina Tecnoplant S.A. del grupo SIDUS S.A. junto con investigadores de CONICET ha desarrollado una variedad de papa resistente al ataque de virus PVY. Las infecciones virales, en particular la de PVY, produce disminución del rendimiento que puede llegar al 50%. A su vez, hay un incremento en los costos debido al aumento en el uso de agroquímicos y la necesidad de reposición de stocks de papa semilla sana. La papa a campo se multiplica clonalmente, lo que favorece la transmisión y diseminación del virus. Las medidas corrientes de control radican en la siembra de material sano (fiscalizado y certificado). La manera más eficiente y económica de control de enfermedades virales es mediante la utilización de variedades resistentes a estas enfermedades, ya sea por resistencia natural o mejoradas genéticamente. Luego del proceso de micropropagación de estas plantas, salen de su condición *in vitro* para pasar a invernáculo y luego a condiciones controladas de siembra a campo, donde son sometidas a un número de evaluaciones, necesarias para su liberación comercial a campo. Para esto deben contar con la aprobación de la Dirección de Biotecnología que evalúa cada caso en particular de los cultivos modificados genéticamente mediante el análisis de la Comisión Nacional de Biotecnología Agropecuaria (CONABIA) del Ministerio de Agricultura Ganadería y Pesca. A su vez el proyecto tiene que ser aprobado por la Dirección Nacional de Mercados así como también por una tercera instancia, la Dirección de Calidad Agroalimentaria, esta última dependiente del SENASA.

## DIFERENTES ABORDAJES AL ESTUDIO DE LA ADAPTACIÓN EN POBLACIONES DE ESPECIES FORESTALES

Coordinadora: García M.V. Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. Instituto de Biología Subtropical (UNAM-CONICET), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET-Argentina).

e-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

Las adaptaciones son caracteres fenotípicos favorecidos por la selección natural. En sentido estricto, los caracteres

adaptativos pueden reconocerse buscando signos de selección que estén operando sobre estos caracteres. La distribución espacial y temporal de la diversidad genética contenida en las poblaciones define la estructura de las mismas. De este modo, la estructura poblacional surge como resultado de la interacción de los procesos microevolutivos tales como selección, deriva genética, mutación y migración que se encuentran operando dentro de sistemas biológicos particulares. Esta estructuración genética de las poblaciones se refiere a la distribución no aleatoria de la diversidad genética en diferentes niveles, desde los genes hasta las especies y esta diversidad genética, así organizada, representa el potencial evolutivo esencial que permite a las especies responder ante el cambio climático. Por otro lado, la particular situación actual generada por el cambio climático global pone en peligro a las poblaciones de árboles debido a las condiciones cambiantes de las zonas climáticas actuales. Debido a esto, las poblaciones de árboles deben amortiguar, adaptarse o migrar para superar estas condiciones cambiantes. Es por ello que el conocimiento de la estructura genética subyacente en las poblaciones, estudiado mediante el análisis de los patrones de variación genética, permite conocer la capacidad con la que cuentan las poblaciones para hacer frente a las condiciones climáticas cambiantes.

## ESTRATEGIAS PARA LA CONSERVACIÓN DE PROSOPIS ALBA: SISTEMA DE APAREAMIENTO Y DISPERSIÓN DE POLEN

Bessegá C.<sup>1</sup>, M. Ewens<sup>2</sup>, B.O. Saidman<sup>1</sup>, J.C. Vilardi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. <sup>2</sup>Estación Experimental Fernández, Departamento de Robles, Santiago del Estero, Argentina.

e-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

En los últimos años los bosques de *Prosopis* (Leguminosae) en Argentina están siendo fragmentados debido a la gran deforestación sin ninguna estrategia de reforestación, el establecimiento de cultivos y la ocurrencia de incendios naturales. El estudio de las consecuencias de la fragmentación de hábitat en el potencial genético de *Prosopis alba* requiere el estudio a escala fina de la estructura poblacional, el sistema de apareamiento y la dispersión de polen. Se analizó una población fragmentada de Santiago del Estero (Argentina) mediante el uso de marcadores microsatélites. La mayor parte de la variación

genética se encuentra entre familias dentro de cada zona (65%), mientras que la mínima proporción corresponde a la diferenciación entre zonas (2,8%). El análisis de la estructura a nivel familiar sugiere que la población presenta fecundación cruzada y existe un bajo aunque significativo nivel de endogamia biparental. Las tasas de fecundación cruzada difieren entre las plantas madres y la proporción de hermanos completos dentro de cada familia varía entre el 64% (misma vaina) hasta el 10% (diferente vaina). La distancia de dispersión de polen estimada varió entre 5,36 y 30,92 m (*KinDist* o *TivoGener*). Se estima que aproximadamente 7 dadores de polen estarían visitando cada planta madre. Dado al avance intensivo de la agricultura y la dispersión limitada de polen y semilla en *Prosopis alba*, se determina la necesidad de conservar al menos parches distantes para evitar los efectos de la endogamia y la deriva génica dentro de las poblaciones.

## CAMBIO CLIMÁTICO Y CONSERVACIÓN EN *Nothofagus* DESDE LA GENÉTICA Y EL MODELADO DE NICHOS ECOLÓGICO

Marchelli P.<sup>1,2</sup>, M.M. Azpilicueta<sup>1</sup>, E. Thomas<sup>3</sup>, C. Soliani<sup>1,2</sup>, M. van Zonneveld<sup>4</sup>, L. Gallo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal. INTA EEA Bariloche. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina. <sup>3</sup>Biodiversity International, Regional Office for the Americas, Cali, Colombia. <sup>4</sup>Biodiversity International, Costa Rica Office. e-mail: pmarchelli@gmail.com

La integración de información proveniente de marcadores moleculares con el modelado de nicho ecológico permite visualizar y entender patrones en la distribución de la diversidad genética a nivel de paisaje en diferentes escalas espaciales y temporales. Conocer la distribución de las especies en respuesta a los cambios climáticos pasados permite mejorar la interpretación de las predicciones de ocupación espacial asociada a los cambios climáticos futuros. A su vez, modelar la distribución futura en conjunto con la variación genética actual permite identificar sitios de alta diversidad vulnerables al cambio. Nuestro objetivo es identificar sitios prioritarios de conservación en cuatro especies sudamericanas del género *Nothofagus*, a través de la identificación de refugios glaciares, el análisis de la variación genética actual y la proyección de la distribución futura. Se evaluó la diversidad genética (ADNcp y microsatélites nucleares) en 64 poblaciones y se hizo una modelación de nicho en conjunto basada en 12 métodos diferentes, datos climáticos, edáficos y variables

que caracterizan el paisaje. Para la distribución pasada se tomaron las condiciones del Último Máximo Glacial y para el futuro se modeló al año 2050. Las distribuciones pasadas confirman la existencia de refugios al Este de los Andes. Se identificaron zonas con alta diversidad genética que se convertirán en zonas vulnerables en el futuro cercano. Sin embargo, se detectan también nuevas zonas potencialmente aptas para las especies. Se discuten estrategias de manejo y restauración en proyectos actuales de domesticación y conservación.

## ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y GENÉTICA NEUTRAL Y NO NEUTRAL EN POBLACIONES DE CURUPAY

García M.V.<sup>1,2,3</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical (UNAM-CONICET). <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET-Argentina). e-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

*Anadenanthera colubrina* var. *cebil* se distribuye en Argentina en las provincias fitogeográficas Paranaense y Yungas. Mediante 13 caracteres cuantitativos y ocho SSRnu analizados en individuos de ambas provincias se determinó la composición de grupos genéticamente distinguibles y se exploró posibles patrones espaciales de la variabilidad genética. Los promedios reproductivos fueron mayores en las Yungas mientras que los vegetativos mostraron valores superiores en Paranaense. Se definieron tres grupos al aplicarse un modelo de agrupamiento bayesiano espacial. Un grupo con individuos de Paranaense mientras que los de Yungas se agruparon según su población de origen. La variabilidad molecular fue mayor en Yungas. Dos pruebas de neutralidad sugieren la acción de selección diversificadora sobre el locus *Ac41.1*. Un modelo de agrupamiento bayesiano espacial fue diseñado incluyendo todos los loci y sin el locus *Ac41.1*. Ambos análisis definieron dos grupos según el origen geográfico de los individuos. Se aplicó un Análisis de Varianza Molecular a estos grupos y la mayor fuente de variación se encontró dentro de grupos. El análisis conjunto de los caracteres cuantitativos y moleculares definió dos grupos y los individuos se agruparon según su provincia de origen. Las poblaciones de Yungas presentan mayor variabilidad siendo recomendada su conservación, en tanto que las poblaciones de Paranaense mostraron el mayor valor para

el Número de semillas por fruto haciéndolas valiosas para estrategias de manejo y recuperación de áreas impactadas como las áreas en las cuales se localizan.

---

### **FUTUROS ESCENARIOS DE CAMBIO CLIMÁTICO DE *Podocarpus parlatorei*, EVIDENCIA MOLECULAR Y MODELAJE DE NICHO**

Quiroga M.P., A. Premoli, T. Kitzberger. Laboratorio Ecotono, INIBIOMA-CONICET. Centro Regional Universitario Bariloche, UNComahue, Bariloche.

e-mail: emepequ@gmail.com

En los hábitats montañosos las condiciones climáticas y el gradiente de elevación integran complejos procesos evolutivos y ecológicos que afectan a la distribución de las especies, haciendo que busquen el conjunto de condiciones bióticas y abióticas (nicho) para su desarrollo. Así, las especies modifican sus áreas de distribución cuando el conjunto de condiciones se cambia. Conociendo la diversidad genética y el nicho, se puede predecir que ocurrirá bajo un escenario climático diferente al actual. *Podocarpus parlatorei* es una especie tolerante al frío del sector austral de las Yungas. Análisis de modelaje de nicho ecológico bajo dos modelos y dos proyecciones previsto para dentro de 50 años, predicen que la especie respondería diferencialmente. En el extremo norte, entre los 14°S y los 18°S más del 50% de la superficie corresponde a áreas nuevas de potencial ocupación. Genéticamente las poblaciones del norte no albergan gran diversidad, por lo que nuevas poblaciones podrían resultar con menor diversidad haplotídica. Al sur de los 18°S el porcentaje de reducción de área es elevado y la desaparición local de la especie es un factor común, así se perdería un haplotipo único. Entre los 18°S y los 20°S ocurren ambos eventos con un bajo porcentaje de desaparición. Este sector contiene elevada diversidad haplotípica, que por efecto de deriva génica podría disminuir su diversidad inclusive perder haplotipos de abaja frecuencia. Bajo la hipótesis analizada, la especie debería poder dispersar propágulos hacia los nuevos sectores y establecerse para desarrollar nuevas poblaciones viables.

---

### **RESPUESTAS ADAPTATIVAS Y PLÁSTICAS DE *Nothofagus pumilio* A CAMBIOS EN EL CLIMA**

Mathiasen P., A. Prémoli. Laboratorio Ecotono, INIBIOMA-CONICET. Centro Regional Universitario Bariloche, UN Comahue. Bariloche.

e-mail: pmathiasen@gmail.com

Los cambios climáticos afectan la habilidad competitiva y el éxito reproductivo de los individuos de muchas especies. Bajo este escenario se predice la extinción local de poblaciones, cambios en el rango de distribución, y/o un ajuste a las nuevas condiciones mediante plasticidad fenotípica o adaptación rápida. Sin embargo, la capacidad de muchas especies para rastrear sus óptimos ecológicos es limitada. En ambientes montañosos ocurren cambios abruptos en las condiciones físicas a distancias cortas, imponiendo severas presiones de selección sobre los caracteres de historia de vida de las plantas. Por lo tanto, los gradientes altitudinales representan “experimentos naturales” para analizar respuestas ecológicas y evolutivas bajo escenarios de cambio. La lenga, *Nothofagus pumilio*, es la especie nativa de importancia forestal de mayor distribución que domina ambientes altoandinos y australes de Patagonia. Entender su respuesta al calentamiento es de gran interés, ya que forma bosques puros y mantiene interacciones con otras especies. Evaluamos el valor adaptativo de caracteres cuantitativos, ecofisiológicos y genéticos de *N. pumilio* en condiciones contrastantes del gradiente altitudinal, con un diseño de transplantes recíprocos. Los resultados sugieren una combinación de respuestas genéticas y plásticas. Las plantas de altura mostraron menor capacidad de respuesta, mientras que la mayor plasticidad y diversidad genética de las plantas de bosque favorecería su persistencia y potenciales ascensos altitudinales bajo escenarios de calentamiento global. Estos resultados cuestionan las predicciones para gradientes altitudinales bajo calentamiento.

---

### **APLICACIONES DE LA GENÓMICA CON MICROARRAYS DE ALTA DENSIDAD**

Coordinadora: Peral García P. Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET, UNLP-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina. e-mail: peralgarcia pilar@gmail.com

El avance permanente del conocimiento genera nuevos desafíos en genética. Nos sorprendimos en el año 2000 cuando se logró secuenciar el primer genoma humano, siguieron los genomas de otras especies, animales y vegetales. Estos avances en el conocimiento de los genomas retan a la imaginación y así permiten descifrar modelos más complejos, detectar enfermedades, contar con diagnósticos presuntivos, todo parece factible de

resolver. Apoyar el conocimiento para la salud humana, animal y vegetal partiendo de los genomas conocidos empieza a convertirse en un desafío de la interpretación y utilidad de ese conocimiento generado. La genómica se ha desarrollado como consecuencia de los avances en Biología Molecular e Informática y se ha convertido en la posibilidad de atender al conocimiento desde la interpretación de la acción del genoma en su conjunto. La introducción y popularización de las tecnologías de alta procesividad ha cambiado drásticamente la manera en que se abordan los problemas biológicos y se prueban las hipótesis. En el presente simposio, nos proponemos conocer algunas de las aplicaciones de la genómica en humanos, trigo y bovinos, de los microarrays de alta densidad de ADN, utilizando la tecnología *axiom Genotyping* (Affymetrix, CA, USA), para estudios de asociación en genoma completo (GWAS), de número de copias de genes (CNV) y estudios de asociación mediante estrategia de genes candidatos.

---

## IDENTIFYING NEW GENES ASSOCIATED WITH IGE LEVELS BY USING GWAS AND ADMIXTURE MAPPING

Pino-Yanes M. Affymetrix.  
e-mail: MariadelMar.DelPinoYanes@ucsf.edu

**Background:** Immunoglobulin E (IgE) is a key mediator of allergic inflammation and is frequently elevated in allergic disorders. **Objective:** To identify genetic variants associated with IgE levels in Latinos. **Methods:** We performed a genome-wide association study (GWAS) and admixture mapping of total IgE levels in 3,334 Latinos from the Genes-environments and Admixture in Latino Americans (GALA II) study. Replication was evaluated in 454 Latinos, 1,564 European Americans, and 3,187 African Americans from independent studies. **Results:** We confirmed associations near 10 genes identified by previous GWAS and identified a novel genome-wide significant association of a polymorphism in *ZNF365* with total IgE (rs200076616,  $p=2.3 \times 10^{-8}$ ). We next identified four admixture mapping peaks (6p21.32-p22.1, 13p22-31, 14q23.2, and 22q13.1) where local African, European, and/or Native American ancestry was significantly associated with IgE levels. The most significant peak was 6p21.32-p22.1, where Native American ancestry was associated with lower levels of IgE ( $p=4.95 \times 10^{-8}$ ). All but 22q13.1 were replicated in an independent sample of Latinos, and two of the peaks were

replicated in African Americans (6p21.32-p22.1:  $p=0.031$  and 14q23.2:  $p=0.025$ ). Fine mapping of 6p21.32-p22.1 identified four genome-wide significant single nucleotide polymorphisms (SNPs) in Latinos, one of which replicated in European Americans (rs113176001,  $p=0.009$ ). Another SNP was peak-wide significant within 14q23.2 in African Americans (rs1741099,  $p=5.4 \times 10^{-6}$ ), and replicated in non-African American samples ( $p=0.010$ ). **Conclusion:** We confirmed genetic associations at 10 genes, and identified novel associations within *ZNF365*, *HLA-DQA1*, and 14q23.2. Our results highlight the importance of studying diverse, multi-ethnic populations to uncover novel loci associated with total IgE levels.

---

## TRACKING NOVEL DIVERSITY IN HEXAPLOID BREAD WHEAT (*Triticum aestivum*) USING THE AXIOM® GENOTYPING PLATFORM

Allen A.M. Affymetrix. e-mail: A.Allen@bristol.ac.uk

Food security is a global concern and substantial yield increases in cereal crops are required to feed the growing world population. Globally, wheat is the most widely grown crop and one of the three most important crops for human and livestock feed. However, the complexity of the hexaploid wheat genome coupled with a decline in genetic diversity within modern elite cultivars has hindered the application of marker-assisted selection (MAS) in breeding programmes. A crucial step in the successful application of molecular markers in breeding programmes is the development of cost-effective and easy to use molecular markers, such as single-nucleotide polymorphisms (SNPs). Recently, large numbers of SNP-based wheat markers have been made available via the use of next generation sequencing combined with high-throughput genotyping techniques, such as the Affymetrix Axiom array platform. The wheat improvement strategic program (WISP) is a BBSRC funded collaborative programme for wheat improvement in the UK. The objective of the WISP is to produce new and novel wheat germplasm, which is characterized for traits relevant to academics and breeders and has genetic markers associated with these traits. To enable the identification and tracking of novel genetic diversity in wheat and wheat relatives within the WISP programme we have produced an 820,000 feature Axiom (Affymetrix) array. This platform has enabled the screening

of diverse lines to select material for pre-breeding and allowed tracking of genetic diversity through the breeding process.

---

## GENOTIPIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE MUESTRAS BOVINAS MEDIANTE LA TECNOLOGÍA AXIOM® DE MICROARRAYS DE HD EN ARGENTINA

Giovambattista G., J.P. Liron, A. Rogberg Muñoz, N.S. Forneris, D.M. Posik, E.E. Villegas Castagnasso, H. Morales Durand, L.H. Olivera, R.J.C. Cantet, P. Peral García. Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET, UNLP-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

Durante los últimos años, la tecnología de *microarrays* de SNPs ha sido ampliamente utilizada en bovinos para estudiar la diversidad genética de las poblaciones, las relaciones entre las razas, la evolución del genoma de esta especie (desequilibrio de ligamiento, selección, etc.), la determinación del grado de parentesco genómico entre individuos, el origen de muestras e individuos (asignación racial), así como, para mapear regiones/genes asociadas a caracteres cuali y cuantitativos. Además, esta tecnología ya está siendo aplicada rutinariamente en los procesos de mejora genética en muchas razas bovinas. Durante el presente año se ha instalado en el IGEVET una plataforma GeneTitan® (Affymetrix, CA, USA), iniciándose los estudios de tipificación de muestras de ADN pertenecientes a las principales razas bovinas criadas en el país mediante el *array* de alta densidad de SNPs *Affymetrix Axiom Genome-Wide BOS 1 Array* (648.874 SNP). En la presente disertación se presentan y discuten los resultados obtenidos hasta el momento, los que permitieron las estimaciones del *call rate* por muestra y por SNP, los valores promedios y la distribución de locus polimórficos, los valores de MAF y heterocigosidad, el equilibrio de Hardy-Weinberg, y el tamaño promedio y distribución de los bloques de ligamiento. Los resultados obtenidos son comparados y discutidos con aquellos estimados a partir del uso de los *arrays Illumina High-Density Bovine BeadChip Array* (777.962 SNPs) y *BovineSNP50 v2 DNA Analysis BeadChip* (54.609 SNPs).

---

## NEUROGENÉTICA

Coordinadora: Gutiérrez M. Servicio de Genética, Hospital P. Elizalde, Bs. As.

e-mail: marinagut@gmail.com

Las enfermedades neurológicas hereditarias, sean neurodegenerativas, o neuromusculares, son trastornos invalidantes y crónicos para los que hasta hace unos años no se conocía casi nada acerca de su patogenia. Sin embargo, la situación ha cambiado drásticamente en los últimos veinte años. En la actualidad se conocen los defectos genéticos responsables de un gran número de enfermedades neurológicas, siendo mayoritariamente mutaciones puntuales, deleciones/inserciones genómicas y mutaciones dinámicas. Esto hace posible una confirmación del diagnóstico clínico más preciso para estos pacientes, identificando las alteraciones genéticas, así como la posibilidad de un asesoramiento genético a los familiares de los portadores evaluando el riesgo de recurrencia en la familia de la enfermedad, e incluso ofrecer un diagnóstico prenatal. La lista de enfermedades del sistema nervioso central o periférico causadas por mutaciones en genes específicos, enfermedades monogénicas es muy larga y se pueden clasificar en varios grupos: Retraso mental, Demencias y trastornos del comportamiento, Trastornos del movimiento, Epilepsia, Enfermedades neuromusculares, Síndromes neuro-oncológicos, Enfermedades degenerativas metabólicas, etc. El estudio de estas enfermedades plantea en muchas ocasiones dilemas bioéticos difíciles de resolver. Es necesaria la búsqueda de modelos animales para lograr el correcto conocimiento de los procesos etiopatogénicos y fisiológicos. Por ello en esta mesa se tratará el diseño de organismos modelo y el estudio de receptores de mediadores en el *Caenorhabditis elegans*. Con una visión de clínica genética aplicada también se presentarán las anomalías del desarrollo cortical, una entidad de gran complejidad y heterogeneidad, con múltiples determinantes etiopatogénicos y variadas manifestaciones caracterizadas por una desorganización de la arquitectura normal de la corteza cerebral, que incluye desde cambios microscópicos sutiles a extensas lesiones que pueden comprometer un hemisferio entero o conformar síndromes genéticos definidos.

---

## EL PEZ CEBRA COMO MODELO DE PATOLOGÍA GENÉTICA

Domené S. Centro de Investigaciones Endocrinológicas "Dr. César Bergadá", CEDIE-CONICET, Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: sdomene@cedie.org.ar

La investigación biomédica depende del uso de modelos animales para comprender la patogénesis de las enfermedades humanas a nivel molecular y celular como así

también para proveer sistemas que permitan el desarrollo y estudio de nuevas terapias. Los modelos mamíferos, como el ratón, se han establecido como modelos de preferencia para el estudio de patologías humanas debido a la alta homología genómica y las similitudes que van desde la anatomía hasta la biología celular y la fisiología. Sin embargo, este modelo tiene ciertas desventajas que dificultan algunos estudios. El pez cebra, *Danio rerio*, también un vertebrado, posee características que lo hacen un modelo ideal para el estudio del desarrollo. Su desarrollo es externo, rápido y al ser transparente permite la visualización *in vivo* de procesos observables con un microscopio óptico o mediante el uso de trazadores fluorescentes. Además, se obtienen entre 200-300 embriones por apareo, lo cual permite utilizar a este modelo para realizar grandes estudios de rastreo y analizar un gran número de mutantes en estudios genéticos. Finalmente, el pez cebra permite estudiar fenotipos embriológicos letales que no pueden ser estudiados en modelos animales con un desarrollo dentro del útero como el ratón. Debido a que su genoma se encuentra secuenciado y al contar con un amplio rango de técnicas y herramientas para su manipulación genética, se hace cada vez más interesante la utilización del pez cebra como modelo para el estudio de patologías genéticas humanas.

---

## GENÉTICA DE LAS MALFORMACIONES DEL DESARROLLO CORTICAL

González Morón D. Consultorio y Laboratorio de Neurogenética, División Neurología, Hospital General de Agudos "J.M. Ramos Mejía".  
e-mail: consultorio@neurogenetica.info

Las malformaciones del desarrollo cortical cerebral (MDC) constituyen un grupo extenso de patologías generadas por una disrupción en el proceso de formación de la corteza cerebral. La identificación del mecanismo molecular involucrado en cada paciente individual ha sido tradicionalmente dificultosa por su presentación compleja, heterogeneidad fenotípica y genética, baja prevalencia y ocurrencia frecuentemente esporádica, entre otros. Estudiamos un grupo de sujetos portadores de alguna de las siguientes MDC: Heterotopía Nodular Periventricular, Heterotopía en Banda Subcortical, Lisencefalia o Polimicrogiria. Luego de la caracterización clínico-radiológica de los mismos, desarrollamos un algoritmo de estudio considerando genes candidatos para cada grupo

de patología en el que se combinó secuenciación por Sanger, Pirosecuenciación de alto rendimiento y MLPA. Con esta aproximación identificamos mutaciones en los genes FLNA, DCX, ARX y una delección involucrando PFAFH1B1. Además exploramos la utilidad de la secuenciación de exoma completo para el reconocimiento de nuevos genes involucrados en la etiopatogenia de las MDC.

---

## RECEPTOR NICOTÍNICO: DESDE EL MECANISMO MOLECULAR DE FUNCIONAMIENTO A LA GENERACIÓN DE ORGANISMOS MODELOS PARA EL ESTUDIO DE PATOLOGÍAS

Bouzat C. Instituto de Investigaciones Bioquímicas de Bahía Blanca, UNS/CONICET, Bahía Blanca, Argentina.  
e-mail: inbouzat@criba.edu.ar

El receptor nicotínico (AChR) es un canal iónico activado por el neurotransmisor acetilcolina que interviene en una gran variedad de funciones fisiológicas y en desórdenes neurológicos. El AChR muscular inicia la contracción muscular y el  $\alpha 7$  interviene en cognición, memoria y atención. Para conocer el mecanismo molecular de activación del AChR y su modulación por fármacos combinamos mutagénesis, construcción de quimeras y expresión en células con registros electrofisiológicos de *patch-clamp*. Con este enfoque experimental identificamos regiones del receptor que son esenciales para acoplar la unión del neurotransmisor a la apertura del poro iónico. La precisión de este mecanismo de activación es fundamental para asegurar el funcionamiento celular apropiado, y demostramos que cambios en la cinética de activación del AChR muscular desencadenan síndromes miasténicos congénitos (SMCs). Además, identificamos mecanismos y sitios de unión de fármacos potenciadores de  $\alpha 7$  que emergen como nuevas herramientas terapéuticas para ciertos desórdenes neurológicos. Los AChRs están conservados en nematodos, donde son blancos de fármacos antihelmínticos. Desciframos la composición del AChR muscular del organismo modelo *Caenorhabditis elegans*, y generamos cepas transgénicas conteniendo AChR mutados que imitan los encontrados en pacientes con SMCs. Dado que los cambios funcionales en *C. elegans* son semejantes a los de los pacientes, postulamos que *C. elegans* es un modelo válido para el estudio de estas enfermedades musculares.

## DIAGNÓSTICO GENÉTICO PRENATAL

Coordinadora: del Rey G. Centro de Investigaciones Endocrinológicas "Dr. César Bergadá", CEDIE-CONICET, FEI, División de Endocrinología, Hospital de Niños "Ricardo Gutiérrez".  
e-mail: graciadelrey@cedie.org.ar

Los defectos congénitos comprenden anomalías estructurales y funcionales causantes de discapacidad conllevando en algunos casos a muerte del individuo. En nuestro país representan la segunda causa de mortalidad infantil. Alteraciones cromosómicas, monogénicas, multifactoriales y teratogénicas pueden ser causa de los mismos. En los últimos 20 años se han dado importantes avances en evidenciar la etiología de un gran número de ellos a través de la práctica de los procedimientos del diagnóstico prenatal (DP). Cabe destacar los logros en la detección de malformaciones a través de estudios ecográficos con equipos de alta complejidad conjuntamente con la capacitación de los profesionales que los utilizan. Asimismo, las indicaciones de los procedimientos invasivos de biopsia de vellosidades coriales o amniocentesis para diagnóstico de aneuploidías realizados en la mayoría de los casos por edad materna avanzada y los métodos bioquímicos de pesquisa en detectar embarazos de riesgo. Las técnicas no invasivas de diagnóstico prenatal que analizan cfDNA fetal presente en el plasma materno han revolucionado el examen prenatal de aneuploidías fetales. A nivel del estudio genético preconcepcional, los avances de la biología molecular permiten detectar factores genéticos que podrían poner en riesgo el desarrollo normal del embarazo y, descartar en algunos casos, el riesgo de transmisión de enfermedades hereditarias. El DP requiere de un equipo multidisciplinario de salud para que resulte eficiente. Es necesario contar con políticas de compromiso para ser implementado como tal en el nivel público y privado, accesible en forma equitativa a toda la población. En este simposio se presentarán los cambios y avances alcanzados en el mismo.

## MALFORMACIONES FETALES DETECTADAS EN EL PRIMER TRIMESTRE DEL EMBARAZO

Aguirre M.A. Centro Nacional de Genética Médica "Dr. Eduardo Castilla", ANLIS "Carlos G. Malbrán", Ministerio de Salud de la Nación.  
e-mail: maaguirre\_ar@yahoo.com

La ecografía del primer trimestre cobró importancia con la descripción de la translucencia nucal como marcador

para trisomía 21, pero hoy es más que eso, y permite la detección precoz de muchas malformaciones fetales. En efecto, la ecografía de las 11-14 semanas no solo permite la pesquisa de aneuploidías sino que la translucencia nucal aumentada está también relacionada con patologías como defectos cardíacos, displasias esqueléticas, infecciones congénitas, etc. También otros síndromes frecuentes pueden ser sospechados como monosomía del X, delección 22q y síndrome de Noonan. Para evaluación de la anatomía fetal es posible observar la calota craneana, línea media cerebral, plexos coroideos y cerebelo, y los diagnósticos posibles son anencefalia, holoprosencefalia e hidrocefalias severas. Luego se puede enfocar el tronco fetal y los miembros y es posible detectar megavejiga, gastrosquisis, onfalocelo, defectos amplios de pared así como defectos de reducción de miembros y polidactilias. La columna vertebral es más difícil de observar sin embargo algunos mielomeningoceles pueden ser detectados. La pesquisa de cardiopatías es otra parte importante de la ecografía del primer trimestre. Se pueden observar fácilmente aquellos defectos graves y pero también ayudan la evaluación de los flujos circulatorios de la válvula tricúspide y el ductos venoso. En definitiva, la pesquisa de malformaciones fetales en el primer trimestre permite decidir el manejo del embarazo y la realización de técnicas que permitan arribar a un diagnóstico de certeza y el asesoramiento adecuado a los padres.

## EVOLUCIÓN DEL DIAGNÓSTICO GENÉTICO PRENATAL: DESDE LAS TÉCNICAS INVASIVAS A LAS NO INVASIVAS

Otaño L. Servicio de Obstetricia y Unidad de Medicina Fetal, Hospital Italiano de Buenos Aires.  
e-mail: lucas.otano@hospitalitaliano.org.ar

El diagnóstico genético prenatal (DGP) comienza en los años 50' con la determinación del sexo fetal en líquido amniótico. Por los siguientes 30 años la amniocentesis en el segundo trimestre de embarazo y los análisis genéticos en líquido amniótico en embarazadas seleccionadas por su edad fueron el centro del DGP. El desarrollo de la ecografía agregó la evaluación de fenotipo fetal en la selección de pacientes para DGP. Como así también el dosaje de alfa-fetoproteína en sangre materna abrió el camino de los marcadores bioquímicos que facilitaron una mejor identificación de embarazos en riesgo genético que justifique realizar un procedimiento invasivo. En

los siguientes 30 años, con la introducción de la biopsia de vellosidades coriónicas, el descubrimiento de la asociación de la translucencia nucal con aneuploidías y de nuevos marcadores bioquímicos, el DGP se muda al primer trimestre. La combinación de la edad materna, el fenotipo fetal y marcadores bioquímicos se convirtió en la estrategia principal para orientar la aplicación del DGP. Esto eficientizó el uso de las técnicas invasivas para el DGP aumentando la tasa de detección de anomalías con una menor tasa de falsos positivos. Es decir, es posible detectar la gran mayoría de las aneuploidías con una baja tasa de procedimientos invasivos. Finalmente, en la actual década se introduce el análisis del ADN fetal libre que circula en el plasma materno. Esta técnica produce un cambio en el paradigma del DGP, por el cual para acceder al genoma fetal deja de ser necesario realizar un procedimiento invasivo sobre el embarazo.

---

## EL DIAGNÓSTICO GENÉTICO PREIMPLANTATORIO (PGD) ESTÁ ALCANZANDO SU POTENCIAL

Coco R. Fecunditas, Instituto de Medicina Reproductiva afiliado a UBA.  
e-mail: robercoco@gmail.com

El PGD es una forma de diagnóstico prenatal que se realiza en embriones originados *in vitro*. A diferencia del diagnóstico en líquido amniótico o vellosidad coriónica se realiza previo a la transferencia embrionaria para permitir el establecimiento de un embarazo libre de la afección para la cual la pareja tiene mayor riesgo. Su posibilidad se remonta antes de la FIV pero se concreta en 1990 con el sexado embrionario por riesgo de adrenoleucodistrofia. Al inicio los estudios eran por PCR y por FISH. Actualmente por minisequenciación, arrays de CGH, SNPs, qf-PCR y más recientemente por NGS. De acuerdo con los datos de la PGDIS y el PGD *consortium* de ESHRE, se estima unos 100.000 ciclos de PGD realizados en todo el mundo, de los cuales el 80% corresponde a *screening* de aneuploidías (PGS), 12% desórdenes monogénicos, 6% portadores de rearrreglos cromosómicos equilibrados y 2% para tipificado de HLA. Si bien la mayoría de los ciclos fueron para PGS su indicación disminuyó debido a la falta de evidencia sobre el aumento de nacidos comparado con los controles no biopsiados. Las indicaciones más frecuentes son: PGS, desórdenes monogénicos, rearrreglos cromosómicos, sexado por enfermedades ligadas al X, sexado sin motivos médicos,

para evitar enfermedades de aparición tardía, tipificado de HLA asociado o no a enfermedad genética, predisposición para el desarrollo de tumores, y para seleccionar una capacidad diferente. Puede realizarse en cuerpo polar I y II, blastómeras y entrofoectodermo. Todas son invasivas, mano dependiente y requieren micromanipulación de última generación. En la actualidad, los adelantos en el cultivo de blastocisto, la eficacia de la vitrificación de los blastocistos biopsiados, las mejores tasas de nacidos con blastocistos desvitrificados y la robustez de los estudios genéticos han convertido a la biopsia de blastocisto como la mejor opción.

---

## BASES MOLECULARES DE LA RESPUESTA A ESTRÉS ABIÓTICO EN ESPECIES ARBÓREAS

Coordinadora: Marchelli P. Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal, INTA EEA Bariloche-CONICET, Bariloche, Argentina.  
e-mail: pmarchelli@gmail.com

Las especies arbóreas de zonas templadas montañosas se distribuyen sobre una gran diversidad de ambientes. Los fuertes gradientes ambientales que caracterizan estas regiones imponen presiones de selección que promoverían adaptaciones locales. Las predicciones indican que los cambios en el clima acentuarían los gradientes naturales y afectarían a las especies que en ellos habitan, esperándose modificaciones en la duración de las estaciones de crecimiento y los ciclos fenológicos. Es de esperar que este impacto no sólo afecte a los bosques naturales sino también a las forestaciones comerciales, tanto de especies nativas como exóticas. En estas últimas podría incluso tener un mayor efecto negativo ya que un programa de mejoramiento siempre va asociado con una reducción en la diversidad genética, lo que implicaría una menor potencialidad adaptativa. Las posibles opciones para las especies arbóreas ante los cambios en el clima serían presentar respuestas plásticas, migrar a sitios más óptimos o adaptarse *in situ* en las sucesivas generaciones. Es necesario conocer las estrategias evolutivas de las poblaciones a escala de tiempo ecológico para implementar medidas de conservación y manejo. En este simposio se discutirán las líneas de investigación que se están desarrollando para establecer las bases moleculares de la respuesta a estrés térmico e hídrico en especies arbóreas, ya sea nativas o implantadas en la región.

## SECUENCIACIÓN DE TRANSCRIPTOMAS DE *Austrocedrus chilensis* Y ANÁLISIS DE LA RESPUESTA A SEQUÍA

Torales S.<sup>1</sup>, M. Rivarola<sup>2,4</sup>, S. González<sup>2,4</sup>, M.M. Azpilicueta<sup>3</sup>, S. Varela<sup>3</sup>, V. Arana<sup>3,4</sup>, P. Marchelli<sup>3,4</sup>, N. Paniego<sup>2,4</sup>, S. Marcucci Poltri<sup>2</sup>. <sup>1</sup>IRB-INTA (Castelar). <sup>2</sup>IB-INTA (Castelar). <sup>3</sup>EEA-INTA Bariloche. <sup>4</sup>CONICET, Argentina.  
e-mail: torales.susana@inta.gob.ar

*Austrocedrus chilensis* es la conífera nativa de mayor importancia económica y ecológica en la región Andino Patagónica por el valor de su madera y por su tolerancia a condiciones de estrés hídrico. Debido a que no se disponen de recursos genómicos en la especie, se secuenciaron y analizaron transcriptomas de hoja utilizando la metodología de pirosecuenciación, Roche 454, a partir de dos grupos de plantas, control y con tratamiento de estrés hídrico, a fin de dilucidar los genes que contribuyen a la tolerancia de esta especie a ambientes restrictivos de agua. Un total de 396.401 lecturas correspondientes a las 2 condiciones ensayadas, fueron ensambladas conjuntamente utilizando el software Newbler obteniéndose 32.255 transcritos, (1.731 *isotigs* y 30.524 *singletons*). Se realizó la anotación funcional utilizando las herramientas Blast2GO e InterProScan. El 90% de los *isotigs* y el 50% de los *singletons* tuvieron al menos un *Blast hit*, de los cuales aproximadamente entre el 60 y 80% contaron con al menos un término de *gene ontology* (GO) asignado. Se realizó un análisis de potenciales marcadores moleculares, obteniendo 253 SNP's para la muestra control y 186 para la muestra estrés y 1.450 SSRs en los transcritos totales ensamblados. Se estimó la expresión diferencial utilizando los 1.731 *isotigs* (transcritos), tomando como medida de expresión el conteo de lecturas para cada *isotig* y cada condición, normalizando por la cantidad total de lecturas de cada librería. Luego de este análisis, 354 transcritos mostraron valores de  $-2 > \log_2(FC) > 2$  (comparación estrés/control).

## RESPUESTA A LA TEMPERATURA DE ESPECIES DE *Nothofagus*

Arana M.V.<sup>1</sup>, M. González-Polo<sup>2</sup>, M. Estravis-Barcalá<sup>1</sup>, A. Martínez-Meier<sup>1</sup>, C. Soliani<sup>1</sup>, F. Pomponio<sup>4</sup>, S. Torales<sup>4</sup>, D. Batlla<sup>5</sup>, P. Marchelli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA-EEA Bariloche-CONICET, Bariloche, Río Negro, Argentina. <sup>2</sup>Universidad Nacional del Comahue, INIBIOMA-CONICET, Bariloche, Río Negro, Argentina. <sup>3</sup>INTA-EEA Bariloche, Bariloche, Río Negro, Argentina. <sup>4</sup>INTA Castelar, Buenos Aires, Argentina. <sup>5</sup>UBA, Facultad de Agronomía, Cátedra de Cultivos Industriales-CONICET, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

e-mail: veronica.arana@conicet.gov.ar

La temperatura, junto con la luz, disponibilidad de agua y nutrientes, modula el crecimiento de las especies vegetales, constituyendo uno de los determinantes de sus nichos ecológicos. En este simposio presentaremos resultados de líneas recientemente fundadas en nuestro grupo de trabajo, direccionadas a estudiar la respuesta a la temperatura en distintas especies de *Nothofagus*, mediante enfoques multidisciplinarios. Nuestros estudios se focalizan en poblaciones distribuidas a lo largo de gradientes altitudinales y latitudinales, marcados por una alta variación direccional de temperatura. Presentaremos resultados que indican que (a) la respuesta de la germinación a la temperatura y (b) la mortalidad de plántulas de especies de *Nothofagus* se encuentran asociadas a la distribución de las mismas en un gradiente altitudinal. Discutiremos algunas de las bases genéticas potencialmente involucradas en estos procesos. En *N. pumilio* presentaremos además resultados que indican la existencia de variación en secuencias nucleotídicas en genes candidatos de respuesta a temperatura, es decir variación potencialmente adaptativa, entre poblaciones distribuidas a lo largo de un gradiente latitudinal. Para finalizar, discutiremos de qué manera la variación en los caracteres cuantitativos/secuencias reportadas podrían contribuir al ajuste del crecimiento de las plantas a ambientes térmicos de relevancia ecológica.

## ESTUDIO TRANSCRIPTÓMICO DE LA ACLIMATAción A BAJA TEMPERATURA EN *Eucalyptus nitens*

Gaete J.G.<sup>1</sup>, C. Lagos<sup>2</sup>, S. Valenzuela<sup>1,2</sup>, V. Emhart<sup>3</sup>, M. Fernández<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. <sup>3</sup>Forestal Mininco S.A., Los Ángeles, Chile.  
e-mail: martfern@udec.cl

*Eucalyptus* spp., incrementa su tolerancia a temperaturas de congelación cuando es previamente expuesto a temperaturas no congelantes, en un proceso conocido como aclimatación al frío. Desde hace varios años, Forestal Mininco S.A. ha desarrollado un programa de mejoramiento genético para la generación de híbridos de eucalipto con excelentes propiedades de la madera y tolerancia a congelación, como es el caso del híbrido *Eucalyptus nitens* x *Eucalyptus globulus*. La especie *E. nitens* presenta mayor tolerancia a congelación, comparado con *E. globulus*, sin

embargo, se desconocen los mecanismos moleculares que determinan esta característica. Las técnicas de secuenciación de ARN (RNA-Seq) ofrecen una herramienta poderosa para el análisis transcriptómico, utilizando tecnología de secuenciación de segunda generación (NGS), permitiendo generar valores de expresión *in silico* comparables a microarreglos, pero con la ventaja de no necesitar información previa del genoma. El presente trabajo entrega los principales resultados de un análisis transcriptómico de la respuesta a aclimatación a baja temperatura en *E. nitens*. Se generaron bibliotecas de expresión de hojas de *E. nitens* expuestas a cuatro condiciones de aclimatación, simuladas en cámaras de frío (NA: control, AF: aclimatado al frío, AC: aclimatado a congelación y DA: desaclimatado), que fueron secuenciadas utilizando la tecnología *Ion Torrent*. Se realizó el pre-procesamiento y el mapeo de las lecturas de secuenciación, usando como referencia el genoma de *Eucalyptus grandis*, seguido de un análisis de expresión diferencial *in silico*, para identificar los principales genes involucrados en la aclimatación. El análisis de expresión *in silico* para los 6 pares de comparaciones (NA/AF, NA/AC, NA/DA, AF/AC, AF/DA, AC/DA) arrojó entre 100 y 600 genes diferencialmente expresados, con un valor de cambio (FC: *Fold change*) menor a -1,5 y mayor a 1,5 ( $p < 0,05$ ). Los resultados corroboran el sistema de secuenciación *Ion Torrent* como una plataforma viable para estudios transcriptómicos y de expresión diferencial *in silico* en plantas leñosas.

## BIOTECNOLOGÍAS APLICADAS AL ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD Y EL MEJORAMIENTO DEL FRUTO EN TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)

Coordinador: Rodríguez G.R. Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. CONICET.

e-mail: grodrig@unr.edu.ar

El fruto de tomate es una fuente esencial de nutrientes por su contenido en licopeno, flavonoides, vitaminas, minerales y fibras. Por su gran aceptación como alimento y versatilidad en la elaboración de comidas, es una de las hortalizas que más se consume en nuestro país y el mundo. Su constitución genética diploide con un número básico de 12 cromosomas, su genoma de tamaño pequeño y su corto ciclo de cultivo, sumado a la disponibilidad de herramientas genómicas y posgenómicas, lo convierten en un cultivo modelo para los estudios de desarrollo y

maduración de los frutos, así como también para el mejoramiento. Doce especies silvestres de tomate crecen como maleza en su centro de origen, definido por la región Andina de América del Sur. Fue domesticado por las culturas precolombinas en Perú y/o en la región de la península de Yucatán en México. Los distintos procesos migratorios durante la domesticación y el mejoramiento del cultivo han provocado cuellos de botella que redujeron la variabilidad genética existente en el germoplasma cultivado. Por ello, las actuales poblaciones de mejora presentan un techo potencial tanto para incrementar el rendimiento como la calidad de los frutos. En este simposio se mostrarán estudios conducidos para: 1) demostrar las bases moleculares de la variación en el contenido de Vitamina E en el fruto de tomate, 2) analizar la diversidad en los metabolitos y transcritos de genotipos cultivados en la región Andina de nuestro país y de genotipos con distinta tolerancia a la conservación en frío, y 3) el aporte de los genotipos silvestres para incrementar la variabilidad y mejorar la calidad de los frutos en el tomate.

## EPIGENETIC DETERMINANTS OF TOMATO FRUIT NUTRITIONAL QUALITY

Carrari F. Instituto de Biotecnología, INTA. CONICET.

e-mail: fcarrari@cnia.inta.gov.ar

Tomato is the most produced and consumed veggie in the world and an important source of antioxidants and vitamins. However, breeding programs have still no tackle these traits mainly due to the lack of knowledge underlying them. We have recently identified the causal gene of a major QTL for vitamin E (mQTL9-2-6) contents in fruits which encodes a 2-methyl-6-phytylquinol methyltransferases (VTE3(1)) that catalyses one of the final steps in VTE biosynthesis. We demonstrated that mQTL9-2-6 is an expression QTL associated with a differential methylation of a SINE retrotransposon located in the promoter region of VTE3(1). In this presentation we are going to extend the discussion about the implications of this finding and present further evidence indicating that methylation of the promoter region of this gene can spontaneously revert leading to different epialleles affecting VTE3(1) expression and VTE content in fruits.

## EPIGENETIC DETERMINANTS OF TOMATO FRUIT NUTRITIONAL QUALITY

Carrari F. Instituto de Biotecnología, INTA. CONICET.

e-mail: fcarrari@cniia.inta.gov.ar

Tomato is the most produced and consumed veggie in the world and an important source of antioxidants and vitamins. However, breeding programs have still no tackle these traits mainly due to the lack of knowledge underlying them. We have recently identified the causal gene of a major QTL for vitamin E (mQTL9-2-6) contents in fruits which encodes a 2-methyl-6-phytylquinol methyltransferase (VTE3(1)) that catalyses one of the final steps in VTE biosynthesis. We demonstrated that mQTL9-2-6 is an expression QTL associated with a differential methylation of a SINE retrotransposon located in the promoter region of VTE3(1). In this presentation we are going to extend the discussion about the implications of this finding and present further evidence indicating that methylation of the promoter region of this gene can spontaneously revert leading to different epialleles affecting VTE3(1) expression and VTE content in fruits.

## ANÁLISIS COMBINADO DE METABOLITOS Y TRANSCRIPTOS EN FRUTOS DE TOMATES DIFERENTES EN CALIDAD

Zanor M.I. Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR-CONICET).

e-mail: zanor@ibr-conicet.gov.ar

Actualmente, los programas de mejoramiento de frutos incluyen como motivo principal caracteres de calidad como forma y tamaño, contenido total de sólidos solubles, firmeza, vida poscosecha, calidad nutricional y sabor. En nuestro laboratorio determinamos los perfiles metabólicos y transcripcionales de frutos de tomates con distintas propiedades, realizando además un estudio integrado para encontrar marcadores asociados a calidad. Analizamos la variabilidad natural del género *Solanum* con el objeto de incorporar características deseables presentes en variedades de tomate cultivados en la región Andina Argentina a variedades comerciales, identificándose algunas con características promisorias. Por otro lado, analizamos variedades de tomate con distinta susceptibilidad a la conservación en frío con el propósito de contribuir a la disminución de las pérdidas económicas asociadas a este

problema. La inducción temprana de un grupo de factores de transcripción en respuesta al almacenamiento a bajas temperaturas hace de éstos candidatos a ser utilizados en programas de mejoramiento. En este contexto discutiremos la aplicación de tecnologías postgenómicas en el estudio de la biodiversidad genética natural con el propósito de entender a nivel molecular procesos esenciales en la fisiología de fruto.

## MODIFICACIONES EN LA ESTRUCTURA GENÓMICA DEL TOMATE CULTIVADO POR EL APORTE DE GERMOPLASMA SILVESTRE

Zorzoli R.<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,3</sup>, J.H. Pereira da Costa<sup>1,3</sup>, G.R. Pratta<sup>1,3</sup>, L.A. Picardi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Fac. de Ciencias Agrarias, UNR. <sup>2</sup>CIUNR. <sup>3</sup>CONICET. CC14, S2125ZAA, Campo Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.

e-mail: rzorzoli@unr.edu.ar

Debido a la selección intensa, la erosión genética y cambios en la oferta por parte de la producción y comercialización, el tomate cultivado (*Solanum lycopersicum*) presenta una reducida variabilidad genética para caracteres de calidad del fruto. El Programa de mejoramiento de la Cátedra de Genética de la FCA-UNR tiene como objetivo mejorar la calidad del fruto a través de la incorporación de genes de especies silvestres. Se han desarrollado diversos materiales genéticos a partir del cruzamiento del cultivar argentino Caimanta de *S. lycopersicum* con el genotipo silvestre LA722 de *S. pimpinellifolium* (P). Las poblaciones generadas (generaciones segregantes F<sub>2</sub>, líneas recombinantes (RILs), híbridos de segundo ciclo (HSC), líneas casi isógenicas (NILs)) constituyen una plataforma de recursos para estudiar las bases genéticas involucradas en caracteres de calidad del fruto. Marcadores moleculares tales como AFLP, SRAP, SSR e INDELS permitieron la caracterización de estos genotipos junto con la detección de QTLs asociados a estos caracteres. Algunas regiones genómicas detectadas en P estuvieron presentes en los HSC (obtenidos entre las RILs) y se mantuvieron en sus generaciones segregantes F<sub>2</sub>. En el conjunto de genotipos NILs, utilizando marcadores SSR, se ha logrado introgresar regiones genómicas únicas provenientes del genotipo P. Las poblaciones obtenidas han permitido analizar el aporte del genotipo silvestre para la mejora de la calidad de los frutos de esta especie. En consecuencia se ha logrado ampliar la variabilidad genética para caracteres de calidad tales como peso, forma, sólidos solubles, acidez y vida poscosecha de los frutos.

---

## SIMPOSIO GENÉTICA REPRODUCTIVA HUMANA

Coordinadora: Juchniuk M.S. Hospital Trelew.

e-mail: ivijuchniuk@hotmail.com

Distintos aspectos que involucran la meiosis y el estado de conservación del ADN son determinantes para la reproducción humana, así como aspectos relacionados con las señales específicas de las hormonas de la reproducción. La infertilidad es uno de los tópicos más estudiados en el área de citogenética molecular, bioquímica y expresión génica. El objetivo de este simposio es discutir temas actuales relacionados a la reproducción humana masculina y femenina. Se abarcan en este simposio errores de no disyunción meiótica en poblaciones de espermatozoides de pacientes infértiles y mecanismos de reparación de ADN en el diagnóstico de infertilidad masculina de pacientes que son encaminados a reproducción asistida. La función gonadal femenina con expresión génica variable será discutida en este contexto.

---

## IMPACT OF CHROMOSOMAL POLYMORPHISMS OF HETEROCHROMATIN ON MALE MEIOSIS IN HUMANS

Pereira C.S.<sup>1</sup>, V.P. Santana<sup>2</sup>, S.A. Santos<sup>1</sup>, M.H.Y. Dantas<sup>2</sup>, M. Prata<sup>1</sup>, J. Squire<sup>3</sup>, L. Martelli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Genética, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, USP, Brasil. <sup>2</sup>Departamento de Ginecología e Obstetrícia, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, USP, Brasil. <sup>3</sup>Department of Pathology and Molecular Medicine, Queen's University, Kingston, ON, Canada.

e-mail: cirosilveira@usp.br

Polymorphisms or heteromorphisms are structural chromosomal variants that are usually considered to be benign. However, the frequency of these polymorphisms is higher in infertile subjects compared to general population, suggesting that there may be a correlation between these chromosomal variants and reduced fertility. Homologous chromosome pairing is impaired in heteromorphic men and may interfere in the meiotic segregation which is related infertility. The objective of this study was to evaluate the meiotic segregation in spermatozoa of heteromorphic patients and investigate its correlation between with the infertility phenotype in these men. Analysis of the meiotic segregation was performed by FISH technique using specific probes for X,Y and 9 chromosomes. Disomies and

diploidy of fertile and infertile controls were compared to heteromorphics. The frequency of disomies and diploidy were higher in heteromorphics compared to both controls. Additionally the Y chromosome disomy was higher in the presence of heteromorphism of chromosome 9, suggesting an inter-chromosomal effect. We also evaluated the segregation of these chromosomes in men undergoing assisted reproduction treatment. We observed a higher frequency of diploidy and disomies in the patients with no reproductive success, showing that it is a potential prognosis marker. Our study highlights the importance of the diagnosis of chromosome heteromorphisms and the need for the evaluation of meiotic segregation of germ cells for comprehensive genetic counseling.

---

## IMPACTO DE LA FRAGMENTACIÓN DEL ADN ESPERMÁTICO EN LA REPRODUCCIÓN HUMANA

Avenaño C. Nascentis Medicina Reproductiva, Córdoba. LAC Trelew y CeBio, Trelew, Chubut, Argentina. e-mail: andrologiachubut@yahoo.com.ar

La integridad del ADN de las gametas es de vital importancia para el normal desarrollo embrionario y un prerrequisito esencial para prevenir la transferencia de anomalías genéticas a nuevas generaciones. El estudio de la integridad del ADN espermático se ha visto revalorizado con el incremento de los tratamientos de reproducción asistida (TRA). Si bien el origen de la presencia de espermatozoides con ADN fragmentado es controversial, diferentes autores lo atribuyen a un desbalance en la presencia de sustancias reactivas de oxígeno. Las técnicas de TUNEL, el ensayo de Cometa, el SCD y el SCSA son los más utilizados para evaluar fragmentación de ADN. Estudios en hombres infértiles han mostrado un claro aumento en el número de espermatozoides con ADN fragmentado en comparación con hombres fértiles. Asimismo, el aumento del número de espermatozoides con ADN fragmentado disminuye las posibilidades de embarazo mediante concepción natural e inseminaciones intrauterinas, así como una clara disminución de las tasas de fertilización, crecimiento embrionario, calidad embrionaria, implantación, embarazo y un aumento de abortos espontáneos luego de TRA. Por lo que se ha postulado incluir dentro de los análisis básicos de la pareja infértil la evaluación de la fragmentación de ADN como

un nuevo método de predecir posibilidades de embarazo.

## IMPLICANCIA DE LOS OLIGOSACÁRIDOS EN LAS ACCIONES DE FSH SOBRE LA CÉLULA DE LA GRANULOSA

Loreti N., S. Campo. Centro de Investigaciones Endocrinológicas "Dr. C. Bergadá", CEDIE. CONICET-FEI, División de Endocrinología, Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez.  
e-mail: nloreti@cedie.org.ar

La hipófisis modula la función del ovario regulando, no solo la síntesis y liberación de la Hormona Folículo Estimulante (FSH), sino también las características de los oligosacáridos presentes en la molécula, lo cual implica la secreción de diferentes variantes de glicosilación. Estas variantes difieren en el grado de sialilación y complejidad de sus oligosacáridos. La regulación hormonal del grado de procesamiento de los oligosacáridos y la asociación de diferentes tipos de variantes glicosiladas circulantes con estadios específicos del desarrollo folicular, sugieren que los procesos regulatorios involucrados requieren de estímulos de variantes glicosiladas de FSH con biopotencia variable. El estudio del perfil de expresión génica global y el análisis de ontología génica reveló la capacidad que poseen las diferentes variantes glicosiladas de FSH de modular en forma diferencial la expresión de genes involucrados en funciones o procesos esenciales de la célula de la granulosa. Estos resultados sugieren que la sialilación y complejidad de los oligosacáridos de FSH participan en la regulación de la función gonadal y claras diferencias en ambas características serían necesarias para modular la actividad biológica a nivel de la expresión génica en la célula de la granulosa y alcanzar, en consecuencia, un adecuado desarrollo folicular.

## FILOGENIAS DE PLANTAS VASCULARES DE LOS ANDES

Coordinadoras: Vidal-Russell R., C.I. Calviño. INIBIOMA-CONICET, Universidad Nacional del Comahue, Bariloche, Río Negro, Argentina.  
e-mail: vidalrussell@comahue-conicet.gov.ar

La cadena montañosa de los Andes es conocida por su gran porcentaje de flora endémica y la gran cantidad de radiaciones evolutivas en distintos linajes. El estudio de la radiación de especies en distintos géneros en diferentes familias brinda oportunidades de generar

hipótesis sobre cómo el levantamiento de los Andes afectó la diversificación en los linajes y cómo ellos adoptaron diferentes morfologías a los distintos climas generados. Incluso la diversificación en los Andes se expande aún más allá incursionando en los otros biomas del neotrópico. Las especies andinas también sufrieron reducción de su rango de distribución en el último máximo glaciar dejando huellas en el genoma de estas especies. El objetivo de este simposio es reunir distintos grupos de trabajo que estén desarrollando filogenias de géneros de plantas vasculares andinos y poder comparar patrones, ver similitudes y diferencias entre los diversos resultados. Se espera que distintos linajes hayan respondido diferente a los mismos eventos geológicos resultando en radiaciones evolutivas con marcadas adaptaciones morfológicas en conjunto con una divergencia a nivel genético; mientras que otros linajes pueden mostrar alta divergencia genética y poca diversidad morfológica y no haberse diversificado.

## EVOLUCIÓN DE PLANTAS ANDINAS: EJEMPLOS EN APIACEAE, APOCYNACEAE, ASTERACEAE Y SCHOEPFIACEAE

Calviño C.I., R. Vidal-Russell, C. Ezcurra, M. Fernández, R. López Laphitz, A. Padin. INIBIOMA-CONICET, UN Comahue, Bariloche, Río Negro, Argentina.  
e-mail: ccalvino@comahue-conicet.gov.ar

Comprender los procesos biológicos, geológicos y/o ambientales que han promovido la gran riqueza y endemismo de la flora andina es clave para dilucidar los mecanismos que generan y mantienen la diversidad biológica. Nuestro objetivo es estudiar la evolución de distintos grupos de plantas con importantes centros de diversidad en los Andes o regiones vecinas a partir de filogenias moleculares. Los grupos analizados hasta el momento son: *Azorella-Mulinum* y *Eryngium* (Apiaceae), *Chuquiraga* (Asteraceae), *Arjona*, *Quinchamalium* y *Schoepfia* (Schoepfiaceae), y *Diplolepis* y *Tweedia* (Apocynaceae). Las filogenias moleculares se usarán para analizar la evolución de caracteres morfológicos, reconstruir áreas biogeográficas o ambientes ancestrales, y datar eventos de divergencia. Además permitirán corroborar la presencia de radiaciones rápidas y realizar estudios espacio-temporales que comparan el número de linajes a través del tiempo. El análisis de patrones coincidentes y/o las diferencias en los distintos grupos permitirá entender procesos de diversificación y de especiación en los Andes.

## DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA Y DIVERGENCIA GENÉTICA DE LINAJES EN *Quinchamalium chilense* (SCHOEPFIACEAE)

Lopez Laphitz R.M., C. Ezcurra, R. Vidal-Russell. INIBIOMA-CONICET, UN Comahue, Bariloche, Río Negro, Argentina.  
e-mail: rlaphitz@gmail.com

*Quinchamalium* es un género de hierbas hemiparásitas que se distribuye a lo largo de la Cordillera de los Andes en Sudamérica. Recientes estudios taxonómicos y morfológicos identifican solo una especie: *Q. chilense* Molina. El objetivo de este trabajo es relacionar la divergencia de los linajes en la filogenia del gen nuclear ITS en *Q. chilense* con variación climática asociada a la diversificación de nicho ecológico a lo largo de la distribución de la especie. Las relaciones filogenéticas entre individuos de todo el rango geográfico de la especie muestran tres clados principales con alto soporte (>90%). Para estimar el nicho ambiental de cada linaje utilizamos las características bioclimáticas y geográficas de cada individuo y comparamos los nichos de los diferentes linajes con estadística multivariada. Aunque algunos linajes ocupan nichos ambientales diferentes, lo que apoya la idea de que la divergencia de nicho haya sido importante en la evolución de esta especie, también se ven casos de conservatismo de nicho y ausencia de divergencia ecológica entre linajes. Nuestro trabajo muestra la utilidad de los análisis de datos ambientales en relación al estudio de la filogenia y la divergencia genética, especialmente en especies de amplia distribución.

## FILOGENIA MOLECULAR, EVOLUCIÓN DEL NICHOS ECOLÓGICO Y DIVERSIFICACIÓN EN BRASSICÁCEAS ANDINAS

Salariato D.L. Instituto de Botánica Darwinion-CONICET, c.c. 22 B1642HYD, San Isidro, Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: dsalariato@darwin.edu.ar

La familia Brassicaceae incluye aproximadamente 320 géneros y 3.660 especies distribuidas mundialmente, siendo más abundantes en áreas templadas y alpinas del hemisferio norte. Sin embargo, se encuentra bien representada en Sudamérica con 374 especies nativas incluidas en 40 géneros. Si bien en los últimos años se han obtenido numerosas filogenias para la familia, poco es lo que se sabía hasta ahora de la historia evolutiva de los

taxones sudamericanos. Dentro de la familia Cremolobeae (3 géneros, 32 especies), Eudemeae (7 géneros, 30 especies) y Schizopetaleae (2 géneros, 16 especies) representan las únicas tres tribus endémicas de Sudamérica y con una distribución geográfica asociada a la Cordillera de los Andes. En este trabajo se obtuvo una filogenia molecular incluyendo a las tres tribus y utilizando tanto marcadores moleculares del núcleo (ITS) como del cloroplasto (*trnL-F*, *trnH-psbA*, intron *rps16*) para luego estudiar la evolución del nicho ecológico y los cambios en las tasas de diversificación de los distintos grupos a través del tiempo. Los resultados muestran que las tres tribus forman un grupo monofilético sobre el que han ocurrido varios cambios en las tasas de diversificación, los cuales parecen estar asociados a los cambios de nicho ecológico ocurridos en los diferentes linajes.

## FILOGENIA Y EVOLUCIÓN DE RASGOS FLORALES EN EL GÉNERO SUDAMERICANO *Jaborosa* (SOLANACEAE)

Moré M., A.C. Ibañez, A.N. Sérsic, G.E. Barboza, A.A. Cocucci. Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral, Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET-UNCba), CC 495, CP 5000, Córdoba, Argentina.  
e-mail: mmore@efn.uncor.edu

El género *Jaborosa*, conformado por 22 especies endémicas del sur de Sudamérica, muestra una notable variación interespecífica en sus rasgos florales (morfología, tamaño, coloración y composición química de las fragancias florales). La reconstrucción de estos rasgos florales y del modo de polinización en una filogenia molecular basada en cinco marcadores moleculares, combinada con información de la distribución geográfica actual de las especies, reveló la presencia de dos clados que divergieron hace aproximadamente 10 millones de años. Un clado distribuido en tierras bajas subtropicales, debajo de los 1.000 m de altura y al norte de los 36° de latitud Sur, compuesto por tres especies que presentan flores blancas de antesis nocturna, limbos estrellados y tubos corolinos de hasta 12 cm de longitud y comprobada o supuestamente polinizadas por esfíngidos nocturnos. El otro clado, compuesto por el resto de las especies, se distribuye principalmente en regiones de alta montaña de los Andes desde Perú hasta Argentina (encima de los 3.000 m) y en la región más austral de la estepa patagónica. Este clado, cuyo ancestro común más reciente se habría

originado hace 3,7 millones de años, muestra una reciente y marcada diversificación en el modo de polinización (moscas saprófilas, polillas y mixto) asociada a cambios en el color de la corola, la morfología y tamaño floral, la composición química de las fragancias florales y la pérdida de un nectario funcional. Esta diversificación de los rasgos florales del clado AndinoPatagónico sería contemporánea con el levantamiento de los Andes durante el Pleistoceno.

---

## ASPECTOS GENÉTICOS Y BIOTECNOLÓGICOS DE LEVADURAS NATIVAS

Coordinador: Libkind D. INBIOMA-CONICET, UN Comahue.  
e-mail: diego.libkind@gmail.com

El presente simposio busca mostrar los avances en el estudio de la biodiversidad de levaduras de ambientes naturales y artificiales de la Patagonia Argentina, su caracterización genética y la evaluación de sus potenciales aplicaciones biotecnológicas. Se ejemplificarán métodos de identificación genética y detección directa a partir de muestras ambientales, así como también estudios sobre la estructura poblacional de ciertas especies de levaduras de relevancia biotecnológica. Se mostrarán resultados sobre obtención y análisis de genomas completos de levaduras nativas argentinas y las estrategias bioinformáticas empleadas. Por último, se mostrarán casos concretos de aplicación de microorganismos autóctonos para la diferenciación productiva de bebidas fermentadas y el empleo de estrategias para el mejoramiento genético.

---

## HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS DE AMBIENTES NATURALES

de Garcia V. Laboratorio de Microbiología Aplicada y Biotecnología, INBIOMA-CCT Patagonia Norte.  
e-mail: vikidegarcia@gmail.com

Las Levaduras son hongos unicelulares que se encuentran distribuidos en prácticamente todos los ambientes, desde los ambientes considerados más extremos (fríos, ácidos, etc.) hasta los asociados al humano (desde la clínica a la industria). Estos microorganismos juegan un papel principal en el ciclado de materia orgánica de los ambientes naturales y sus diversas estrategias adaptativas y

su potencial metabólico ha permitido su aplicación en la producción de compuestos y en el desarrollo de diversos procesos biotecnológicos. Para el estudio de comunidades de levaduras se utilizan diferentes enfoques (análisis fisiológico, metabólico y genético). Para su detección, identificación y clasificación se han desarrollado bases de datos de secuencias génicas y técnicas moleculares de fácil acceso. Estas técnicas incluyen desde *fingerprinting* (microsatélites, RAPD, AFLP) para el estudio de diferencias dentro y entre especies, la secuenciación de múltiples genes para la identificación de especies y estudios filogenéticos y taxonómicos, hasta el análisis meta-genómico para el estudio de comunidades (TGGE-DGGE, ARISA, Piro-secuenciación). El estudio de la biodiversidad de levaduras de ambientes naturales aporta conocimientos a la filogenia, la descripción y conservación de los recursos genéticos y a las potencialidades biotecnológicas de los ambientes naturales.

---

## OBTENCIÓN, ENSAMBLE Y ANÁLISIS DE GENOMAS DE LEVADURAS NATIVAS DE INTERÉS BIOTECNOLÓGICO

Bellora N. Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (CONICET-UN Comahue), Bariloche, Argentina.  
e-mail: nbellora@gmail.com

La síntesis de micosporinas (MIC) en *Phaffia rhodozyma* ha abierto un amplio espectro de interrogantes de carácter bioquímico, ecológico, taxonómico y biotecnológico que requieren ser respondidos. El genoma completo será utilizado como base para resolver aspectos básicos como su inducción y regulación. Hemos obtenido los borradores genómicos mediante el ensamblaje de *paired-end* secuenciados con Illumina de las cepas CBS7918<sup>T</sup> (N50=75,9K) y CRUB1149 (N50=163,6K), de aproximadamente 19Mb, un contenido de G+C del 47% y 2,4% de regiones repetitivas. Los errores de secuenciación estuvieron debajo del 0,1% y el 98% de las secuencias de *P. rhodozyma* en NCBI y secuencias de provenientes de estudios de RNA-seq fueron cubiertas. Se identificaron los *reads* y ensamblaron los *clusters* completos de rRNA nucleares, los genomas mitocondriales y plásmido pDK1, cada ensamblaje con un *coverage* proporcional a la cantidad de copias por célula. El análisis comparativo entre cepas muestra un 3-4% de divergencia en secuencias genómicas y 92% de genes comunes. Realizamos estudios

filogenómicos a partir de genes comunes a todos los organismos eucariotas (CEG). Localizamos los genes de síntesis de astaxantina, se predijeron nuevas enzimas reguladoras y se encontró el *cluster* de genes responsable de la síntesis de MIC, hasta ahora desconocido.

---

## ESTRATEGIAS PARA EL USO DE LEVADURAS NATIVAS EN LA DIFERENCIACIÓN DE BEBIDAS FERMENTADAS REGIONALES

González Flores M.<sup>1</sup>, A. Origone<sup>1</sup>, R.J. Barbagelata<sup>1</sup>, M.E. Rodríguez<sup>1,2</sup>, C.A. Lopes<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Biodiversidad y Biotecnología de Levaduras, Instituto de Investigación y Desarrollo en Ingeniería de Procesos, Biotecnología y Energías Alternativas (PROBIEN- CONICET, UNCo), Fac. Ingeniería, UNCo. Neuquén, Argentina. <sup>2</sup>Fac. Ciencias Médicas. <sup>3</sup>Fac. Ciencias Agrarias, UNCo, Argentina.  
e-mail: clopes@conicet.gov.ar

*Saccharomyces uvarum* y *Saccharomyces eubayanus* son levaduras criotolerantes asociadas a ambientes naturales. *S. uvarum* también se asocia a la fermentación de mostos de manzana y uva a bajas temperaturas, presentando un mayor consumo de fructosa, menor producción de acidez volátil y mayor de glicerol y alcoholes superiores que *Saccharomyces cerevisiae*. En muchos casos, las especies no-*S. cerevisiae* no son capaces de completar las fermentaciones de mostos con altos contenidos de azúcares. En este sentido, híbridos artificiales entre estas especies y *S. cerevisiae*, con propiedades intermedias o superiores a los parentales, podrían convertirse en una herramienta interesante para la diferenciación de estos productos. En nuestro laboratorio se evaluó la potencialidad de cepas regionales de *S. uvarum* y *S. eubayanus* y de híbridos artificiales para la elaboración de sidras y vinos a bajas temperaturas. Los híbridos se generaron mediante métodos no generadores de OGMs y la estabilización genética de los mismos se realizó mediante micro-fermentaciones sucesivas en mosto de manzana o uva a 13° C y 20° C. Independientemente del sustrato utilizado, los híbridos produjeron cantidades de glicerol intermedias o mayores y valores de acidez volátil inferiores que sus parentales en las condiciones ensayadas y se obtuvieron perfiles aromáticos diferenciales entre los híbridos y los parentales.

---

## SELECCIÓN DE TOLERANCIA AL ESTRÉS BIÓTICO EN PLANTAS

Coordinador: Castro A.M. Genética, CISAV, Facultad de Cs. Agrarias y Forestales, UNLP. INFIVE- CONICET, CCT-La Plata.  
e-mail: amcastro@isis.unlp.edu.ar

Las plantas han desarrollado numerosos mecanismos para interferir o evitar el daño provocado por herbívoros y organismos patógenos. Mientras las defensas constitutivas intentan detener el desarrollo de estos agentes, las defensas inducibles son activadas a partir del reconocimiento de una plaga e incluyen múltiples cambios bioquímicos y/o morfológicos, tales como la expresión de genes de defensa. La percepción del estrés en una parte de la planta puede causar el incremento de la resistencia en la totalidad de la misma, proceso denominado *resistencia sistémica adquirida* (mediada por Ácido Salicílico) o *resistencia sistémica inducida* (mediada por Ácido Jasmónico). La exposición de las plantas a un estrés suave permite obtener respuestas más rápidas y efectivas de defensas ante subsecuentes ataques, infecciones y/o estrés ambiental de mayor severidad (*priming*). Varios patógenos y plagas han desarrollado razas fisiológicas o biotipos que suelen ser cultivar-específicos, en otros casos la gran variabilidad genética y la posibilidad de recombinación en los agresores hacen que el control sea una tarea dificultosa. Es sin duda la búsqueda de mecanismos de tolerancia estable, ya sea raza-específica o inespecífica, basados en genes de expresión constitutiva o inducibles, el método más sustentable de control de patógenos y plagas. La selección y mejora de las defensas constitutivas e inducibles en plantas mediante selección asistida, constituye una temática interdisciplinaria de alto impacto que ha comenzado a desarrollarse en Argentina. Los mecanismos de defensa que funcionan en las plantas son altamente específicos y en la gran mayoría de los casos no provocan presión de selección en las plagas. Algunos, además, actúan a nivel de las interacciones tritróficas (planta-insecto- parasitoides/predadores). Dado el impacto a nivel de sustentabilidad del manejo de los cultivos, resulta de importancia el tratamiento interdisciplinario del tema en el marco de este Simposio.

---

## FUSARIOSIS DE LA ESPIGA DE TRIGO, ASPECTOS FISIOPATOLÓGICOS Y TOXIGÉNICOS A CONSIDERAR FRENTE A LA MEJORA DE ESTA PATOLOGÍA

Malbrán I., C.A. Mourellos, G.A. Lori. CIDEFI-CICBA-UNLP (Centro de Investigaciones de Fitopatología), Fac. Cs. Agrarias y Forestales, Univ. Nac. de La Plata.  
e-mail: galori@infovia.com.ar

La Fusariosis de la Espiga de Trigo (FET) es una de las

enfermedades fúngicas más importantes que afecta las áreas cerealeras de todo el mundo, de acuerdo a las condiciones climáticas vigentes durante el período de floración del trigo suele presentarse con carácter epidémico. En la Argentina, *Fusarium graminearum* Schwabe [teleomorph *Gibberella zeae* (Schwein.) Petch], es el principal agente causal de esta patología. Si bien la FET provoca pérdidas económicas debido a la disminución de los rendimientos, también se ve afectada la calidad del grano por la habilidad que posee el patógeno para producir micotoxinas (Tricotecenos y Zearalenona), durante el proceso de la patogénesis. Estos compuestos están relacionadas con la agresividad de los aislamientos de *F. graminearum*, en las poblaciones del patógeno existen diferencias cualitativas y cuantitativas en la producción de tricotecenos, los resultados obtenidos en la Argentina sugieren que bajo condiciones de campo la habilidad de *F. graminearum* de producir y acumular DON en las espigas de trigo está altamente relacionado con la agresividad de los aislamientos. En el estudio de la estructuración de esta agresividad se ha observado que los aislamientos evaluados difieren significativamente en su habilidad para inducir síntomas de FET. La interacción entre los aislamientos de *F. graminearum* y la planta de trigo es un fenómeno complejo, que incluye además la existencia de la variabilidad en la agresividad de las poblaciones del patógeno y la presencia de distintos comportamientos del cereal frente a la FET. Tradicionalmente se ha trabajado en las fuentes de resistencia del tipo I y II, la profundización de los estudios de las poblaciones patógenas relacionados con la agresividad y capacidad toxigénica, como los de las interacciones patógeno hospedante, sugieren la integración de los otros mecanismos de resistencia (III, IV y V) como estrategias para la búsqueda de materiales de buen comportamiento hacia la FET.

## SELECCIÓN ASISTIDA DE TOLERANCIA A LA FUSARIOSIS DE LA ESPIGA EN TRIGO

Lori G.<sup>1,2</sup>, A.M. Castro<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>CIDEFI, Fitopatología, Fac. Cs. Agrarias y Forestales, UNLP. <sup>2</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la provincia de Bs. As. <sup>3</sup>Genética, CISA, Fac. Cs. Agrarias y Forestales, UNLP. <sup>4</sup>INFIVE-CONICET, CCT-La Plata.  
e-mail: amcastro@isis.unlp.edu.ar

La Fusariosis de la espiga (FE) es una de las enfermedades más importantes de trigo con reducciones del rendimiento y la calidad del grano. Los trigos argentinos frecuentemente sometidos a la infección de *F.*

*graminearum* presentan pérdidas que van del 10 al 42% de la producción. Existen cinco mecanismos de resistencia al patógeno, sin embargo, la mejora de la tolerancia es muy dificultosa dada la alta variabilidad existente en las poblaciones de *Fusarium*. La actual base genética de la resistencia a nivel mundial en trigo es muy estrecha ya que sólo han mostrado ser efectivos los genes identificados en el cultivar chino Sumai3. Por esa razón es crítico encontrar nuevas fuentes de resistencia a FE. Con ese propósito nuestro grupo inició el cribado de 114 líneas isogénicas recombinantes (RILs) de la población de mapeo de ITMI, evaluando los mecanismos I, II y V durante 5 años. Para ello, esas RILs fueron desafiadas con una población formada por 65 aislamientos de *Fusarium* colectadas en las provincias de Bs. As., Entre Ríos y Santa Fe. Se evaluaron la severidad (S), el índice de *Fusarium* (IF), el peso de mil granos (PMG) y el porcentaje de granos dañados (GD) en plantas inoculadas por aspersión (Tipo I de resistencia) o por inyección (Tipo II de resistencia) y en plantas control sin inoculación. Se observaron diferencias altamente significativas entre ambos padres de las RILs, con el trigo "Synthetic" mostrando valores de tolerancia similares a Sumai3 para la mayoría de los parámetros evaluados. Además se encontró asociación entre las características analizadas y los marcadores moleculares mapeados en la población de RILs de ITMI. Se identificaron dos QTLs explicando la mayor parte de la variación de ambos tipos de resistencia. Otros QTLs adicionales de menor magnitud fueron también localizados. En todos los casos fue el padre Synthetic el que contribuyó con los alelos que aportaron a la resistencia a *F. graminearum*. Estos nuevos genes podrán ser incluidos en materiales que ya poseen otros que confieren tolerancia a FE con el propósito de piramidalizar los genes que contribuyen al control de este patógeno.

## SELECCIÓN ASISTIDA DE GENES QUE OTORGAN TOLERANCIA A ÁFIDOS EN CEBADA

Tocho E. Genética, CISA, Fac. de Cs. Agrarias y Forestales, UNLP e Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE), CONICET, CCT La Plata.  
e-mail: ericatocho@yahoo.com.ar

El objetivo principal de nuestro trabajo es localizar genes de tolerancia a áfidos en cebada con el propósito de obtener recursos genéticos que puedan ser aprovechados en programas de mejora, para ser transferidos a materiales comerciales, ya sea mediante métodos tradicionales

o utilizando técnicas moleculares más avanzadas. La identificación de genes de resistencia se realiza mediante la caracterización fenotípica y molecular de una población de líneas recombinantes doble haploides (LRD) de cebada cervecera, provenientes del cruzamiento entre padres contrastantes (Dom y Rec), que son expuestas al daño del pulgón verde de los cereales (*Schizaphis graminum*) y del pulgón ruso del trigo (*Diuraphis noxia*). La caracterización fenotípica consiste en identificar mecanismos de resistencia de tipo antixenosis, tolerancia y antibiosis. En tanto la caracterización molecular permite establecer la asociación entre esos mecanismos de resistencia y los marcadores moleculares mapeados en las LRD provenientes de esta población, con el propósito de localizar loci de efectos cuantitativos (QTLs) de resistencia. Se identificaron varios QTLs de tolerancia a ambos pulgones ubicados principalmente en los cromosomas 1H, 2H, 5H y 7H. Los marcadores moleculares ligados a esos genes de defensa o a los QTLs, permiten la utilización de técnicas de Selección Asistida por Marcadores (MAS) que pueden acelerar los procesos de mejoramiento de caracteres deseados, en particular la resistencia a los áfidos. En un momento de expansión y auge del cultivo de cebada como el actual en la Argentina, la contribución que pueda hacerse al mejoramiento será muy valiosa.

## MECANISMOS DE DEFENSA INDUCIDOS POR EL ESTRÉS BIÓTICO EN TRIGO

Tacaliti M.S.<sup>1</sup>, D.O. Giménez<sup>2</sup>, A.M. Castro<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Genética, CISAV, Facultad de Cs. Agrarias y Forestales, UNLP. <sup>2</sup>Fisiología Vegetal, Facultad de Cs. Agrarias y Forestales, UNLP. <sup>3</sup>INFIVE-CONICET, CCT La Plata.  
e-mail: msilviatacaliti@yahoo.com.ar

El trigo pan, *Triticum aestivum*, constituye una especie de genoma muy complejo. Ante la acción de un factor que genera estrés, como el ataque de un organismo patógeno o de un insecto, la planta es inducida a activar sus defensas mediante la transmisión de numerosas señales de respuesta. Las principales moléculas de señalización involucradas son el ácido jasmónico (AJ), ácido salicílico (AS), etileno, ácido abscísico, ácido giberélico, brasinoesteroides, especies reactivas de oxígeno (ROS) y óxido nítrico, sustancias que caracterizan a la interacción planta-insecto. Se conoce que las respuestas al estrés pueden generar, directa o indirectamente, modificaciones en la regulación epigenética y a nivel de la cromatina. Algunos cambios en

la cromatina son estables y se tornan independientes del inductor, originando en algunos casos epialelos heredables. Además, la inducción de estados epigenéticos promueve la movilidad de transposones de ADN y retrotransposones, elementos muy abundantes en los genomas vegetales y en el del trigo en particular. En conclusión, es aceptada la idea de que el estrés induce modificaciones persistentes y heredables de la cromatina, las cuales redundan en cambios a nivel de la expresión génica y de las características fenotípicas. En nuestros estudios, hemos logrado identificar al menos un gen regulador que permite dar respuesta a las diferentes vías activadas por los inductores hormonales y a áfidos. Para ello fue necesario generar materiales segregantes para una única región de un cromosoma, obtenidas a partir de líneas dihaploides recombinantes del cultivar susceptible Chinese Spring y el trigo "Synthetic". La transferencia a materiales comerciales de este sistema mediante MAS proveerá de un mecanismo de defensa a múltiples estreses.

## RESISTENCIA GENÉTICA EN LOS CULTIVOS DE AVENA Y CEBADA A LAS ROYAS DE LA HOJA (*Puccinia coronata* y *Puccinia Hordei*)

Giménez F., V. Conti, F. Moreyra, G. González, P. Campos. Estación Experimental Agropecuaria INTA Bordenave.  
e-mail: gimenez.fernando@inta.gov.ar

La avena ocupa una superficie de 1,1 millones de hectáreas y su principal destino es la producción de forraje verde para el ganado durante el otoño, invierno y principios de primavera, mientras que la cebada ocupa 1,5 millones de hectáreas, destinándose su producción a la industria cervecera y como grano forrajero, ambos con saldos exportables. Las royas de la hoja son unas de las principales enfermedades que afecta a ambos cultivos, limitando su producción. Los patógenos que producen esta enfermedad son *Puccinia coronata* en avena y *Puccinia hordei* en cebada, ambos parásitos específicos. *P. coronata* posee numerosas razas y es muy variable debido a la alta tasa de mutación. Esto lleva a diseñar una estrategia dinámica e interdisciplinaria para generar cultivares con resistencia genética. Los viveros de evaluación fitosanitaria se realizan en diferentes regiones del país para la caracterización y toma de muestras que permiten obtener aislamientos monopostulares, los cuales son multiplicados y caracterizados bajo condiciones controladas y luego utilizados para determinar la aparición

de nuevas razas y su nivel de virulencia. En el último quinquenio se identificaron 43 razas diferentes mediante este sistema. Posteriormente, estos aislamientos se utilizan para buscar fuentes de resistencia y así piramidalizar genes de resistencia vertical y seleccionar genotipos en poblaciones segregantes. Esto se complementa con el uso de marcadores moleculares de genes conocidos que confieren resistencia a varias razas como el Pc91 y Pc94. No hay cultivares resistente a todas las razas. *P. hordei* es más estable, se conocen 21 genes de resistencia vertical y unos pocos que confieren resistencia horizontal. Los genes utilizados actualmente han sido quebrados, quedando como efectivos el Rph7, Rph15, Rph16 y Rph19. Ningún cultivar posee estos genes. El gen Rph7 posee un marcador molecular asociado codominante (CAPS), el cual permite seleccionar el alelo que confiere resistencia.

---

## GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA: PLATAFORMA DE BIOTECNOLOGÍA

Coordinador: Giovambattista G. Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET, UNLP-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: guillermogiovambattista@gmail.com

Los grandes cambios tecnológicos ocurridos durante los últimos años y la irrupción de las disciplinas denominadas “omics” han ido modificando significativamente la dinámica de trabajo de los laboratorios dedicados a la investigación y desarrollo en genética, así como también, la escala y organización de los proyectos de investigación en esta área. La necesidad de utilizar costosas plataformas de alta *performance* (Genotipificación genómica, secuenciación masiva, etc.) ha llevado a que una parte considerable de los análisis sean realizados en servicios centralizados especializados en este tipo de técnicas, ya sea pertenecientes a instituciones públicas o privadas. Por otra parte, la producción masiva de datos y el aumento de la complejidad de los análisis ha llevado al desarrollo de la bioinformática y de la biología computacional. Dado este nuevo escenario, en el presente simposio se discutirá sobre la oferta de servicios tecnológicos en el área de genética disponibles en la actualidad en el país, con el fin de aumentar su visibilidad en la comunidad científica y de esta forma contribuir al desarrollo de los proyectos de investigación.

---

## PLATAFORMA DE SECUENCIACIÓN HIGH-THROUGHPUT PARA ANÁLISIS DE GENOMAS HUMANOS, GENOMAS VEGETALES Y MICROBIOMAS

Romero M.S., B. Brun, S. Revale, M. Fabbro, M. Vázquez. Instituto de Agrobiotecnología Rosario (INDEAR), Rosario, Santa Fe, Argentina.  
e-mail: soledad.romero@indear.com

La plataforma de genómica y bioinformática de INDEAR que participa de las plataformas nacionales CATG (Consorcio Argentino de Tecnología Genómica) y BIA (Bioinformática Argentina) ha desarrollado y puesto a punto una serie de aplicaciones usando las tecnologías de secuenciación masiva de ADN: Illumina Hiseq y Roche 454 GS-FLX+. En este sentido, hemos priorizado los desarrollos en genómica humana, genómica vegetal y microbiomas; tratándose de áreas vacantes en Argentina no existiendo previamente servicios locales. Se trabajó en estrecha colaboración con importantes grupos argentinos de investigación para el desarrollo de aplicaciones y procedimientos operativos estandarizados de producción y análisis de datos. Se utilizaron casos testigos de las siguientes áreas: GENÓMICA HUMANA. Casos testigo: a) Genomas completos de tres hermanos con encefalopatía epiléptica severa, b) Exomas completos en diseño quintuplet, gemelos con desorden del espectro de autismo, padres y hermano sanos, y c) Exomas completos en diseño triplet, niño con desorden de insensibilidad a GH e inmunodeficiencia y padres sanos. GENÓMICA VEGETAL. Caso testigo: Caracterización de cultivos genéticamente modificados de soja y trigo. MICROBIOMAS. Casos testigo: a) Proyecto microbioma humano argentino basado en 20 individuos sanos y 5 localizaciones (tracto gastrointestinal, cavidad oral, cavidad nasal, piel y vagina), y b) Genómica microbiana comparativa para epidemiología y evolución, análisis de *Pseudomonas aeruginosa* en infecciones crónicas de fibrosis quística. El objetivo es contar la experiencia de todos estos desarrollos ya disponibles como servicio en el país.

---

## SERVICIO DE DIAGNÓSTICO GENÉTICO EN ANIMALES DOMÉSTICOS (GAD)

Giovambattista G., M.H. Carino, D.M. Posik, E.E. Villegas Castagnasso, J.A. Crespi, L.S. Barrientos, J.P. Lirón, N. Castillo, M.E. Zappa, G. Barbisan, H. Morales Durand, L.H. Olivera, A. Rogberg Muñoz, M. Abba, S. Díaz, M.V. Ripoli, P. Peral García. Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET, UNLP-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires,

Argentina.

e-mail: ggiovam@fev.unlp.edu.ar

Durante los últimos 20 años, el área de genética molecular de animales domésticos del IGEVET brinda servicios a terceros a entes gubernamentales, asociaciones de criadores, productores individuales, empresas y laboratorios privados y al sistema Científico-Tecnológico. El laboratorio se ha focalizado en genotipificación y posee tres plataformas: un equipo de microarrays GeneTitan, un pirosecuenciador y un secuenciador capilar, así como un *cluster* informático para cálculos de alto desempeño. Actualmente, 23 servicios tecnológicos de alto nivel (STAN del CONICET) son ofrecidos por el IGEVET. Entre ellos pueden mencionarse: identificación individual y racial en animales domésticos (paternidad, trazabilidad, selección genómica), identificación de especie, sexado, análisis de fragmentos, detección de enfermedades genéticas en animales domésticos, análisis de metilación, entre otros. Además, el GAD es uno de los pocos laboratorios de genética forense animal en el país y en la región. Recientemente, se han incorporado el servicio de análisis de microarrays de mediana y alta densidad utilizando la tecnología Axion®, así como análisis de bioinformática para datos genotipado y expresión génica, tanto de microarrays como de secuenciación de masiva. Finalmente, que el GAD brinda asesoramiento para el diseño y desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico.

innovadores que ocurren en la mesada del laboratorio a la clínica (medicina traslacional), para mejorar tanto el diagnóstico como el tratamiento. En este contexto podemos definir a la Bioinformática Traslacional como al desarrollo y aplicación de métodos (bio)informáticos que conecten la información molecular disponible con la clínica. En la presente charla comentaré los principales avances técnico-conceptuales que llevaron al cambio de paradigma mencionado, y como los mismos han impactado en la investigación biomédica. En este contexto explicaré con algunos ejemplos los desafíos y aplicaciones de la Bioinformática Traslacional, haciendo énfasis en los desarrollos y capacidades existentes a nivel nacional. Presentaré también las perspectivas y avances en el ámbito internacional en el área, que prometen cambiar la manera en que concebimos la investigación en la prevención, diagnóstico y tratamiento de la salud, llevándonos a la promesa de la medicina personalizada.

---

## BIOINFORMÁTICA TRANSLACIONAL: DE LA GENÓMICA A LA MEDICINA PERSONALIZADA

Marti M. Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la Universidad de Buenos Aires, CONICET-INQUIMAE.

e-mail: marcelo@qi.fcen.uba.ar

Con el advenimiento del siglo 21 la Biología sufrió un cambio de paradigma producto del avance tecnológico en las técnicas de secuenciación masivas (*Next Generation Sequencing Methods*) y al convertirse, parcialmente, en una ciencia digital. Tal es así, que la incontenible cantidad de datos biológicos generados en los proyectos genoma, es uno de los principales motores de la industria de *soft* y *hardware*. Almacenar, procesar, analizar y convertir estos datos en “conocimiento” es el principal desafío de la Biología. En paralelo a estos desarrollos, en la última década ha habido una creciente presión para llevar los desarrollos





FOROS



---

## FORO: LAS ENFERMEDADES POCO FRECUENTES: DESAFÍO DIAGNÓSTICO Y SOCIAL EN ARGENTINA

---

### ENFERMEDADES POCO FRECUENTES: UNA MIRADA DESDE LA PATAGONIA

Coordinadora: Ávila S. Hospital Provincial Neuquén, Universidad Nacional del Comahue.

e-mail: silvia347@gmail.com

Las enfermedades raras o poco frecuentes son aquellas que afectan a un pequeño número absoluto de personas o a una proporción reducida de la población. Los diversos países y regiones del mundo tienen definiciones legales diferentes. Pero todos coinciden en historias comunes y también en la lucha incansable para lograr la mejor atención posible para los afectados desde un punto de vista biopsicosocial. Es esencial construir de modo colaborativo un sistema que permita reconocer, registrar y ayudar a que los afectados desarrollen al máximo su potencial. Las asociaciones de padres han sido esenciales en el inicio y en el mantenimiento de la construcción. El marco legal y el soporte estatal son esenciales en este sentido. La escasa cantidad de personas afectadas por patología marca la necesidad de esfuerzos especiales unificados y de coordinación internacional para poder combatirla. Según el último censo realizado por el Centro Nacional de Genética y de la Red Nacional de Genética existe un solo servicio de Genética en salud pública en la Patagonia que cuenta con atención Médica y prestaciones de Laboratorio. Esto marca una gran barrera en la accesibilidad a los servicios de diagnóstico específico en una región tan extensa. En este Foro pretendemos hacer un aporte en la necesidad de fortalecer las estructuras existentes a nivel sanitario a nivel regional, comentar los avances logrados a nivel nacional y revisar cuáles son los derechos que ya se reconocen a partir de la Ley de Enfermedades Poco Frecuentes y las Leyes referidas a Discapacidad.

---

### ENFERMEDADES POCO FRECUENTES (EPF): NUEVO PARADIGMA EN SALUD PÚBLICA

Armando R. Área Enfermedades Poco Frecuentes, Ministerio de Salud. Sección de Genética Clínica del Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez y Hospital Italiano de Buenos Aires. e-mail: romina\_armando@yahoo.com

com

El término enfermedades poco frecuentes (EPF) es un concepto relativamente nuevo en materia de salud pública. Si bien la temática tuvo un crecimiento exponencial en los países europeos, en los últimos años se ha presenciado un despertar en algunos países de Latinoamérica. En la Argentina, desde el año 2011, se ha definido una EPF aquella con una prevalencia menor o igual a 1/2.000. Si bien los pacientes son pocos por cada enfermedad, si se suma la totalidad de los afectados de las más de 8.000 EPF descriptas a la actualidad, los enfermos llegan a casi a 3 millones de argentinos, es decir el 6-8% de la población. Las enfermedades, son 80% de etiología genética y muy diferentes entre sí, pero comparten una problemática común derivada de la baja prevalencia: diagnósticos erróneos, demora diagnóstica, falta de información. La búsqueda de soluciones está centrada en implementar una serie de políticas públicas con nuevas estrategias que permitan crear procesos y estructuras tendientes a mejorar los recorridos de pacientes, familiares y profesionales. Entre las líneas estratégicas de acción se encuentran identificar centros de expertos y visibilizar la información disponible. Su impacto en lo sanitario y social, su problemática multidimensional, han dado esta manera tan innovadora de enfocar este problema de salud.

---

### LEY DE ENFERMEDADES POCO FRECUENTES: UNA RESPUESTA DEL DERECHO PARA EL ACCESO AL DIAGNÓSTICO

Bianco M.I. Abogada, Especialista en Discapacidad.

e-mail: mibianco@fibertel.com.ar

La ley 26.689 es una herramienta del Derecho, desde la perspectiva de salud para el acceso al Diagnóstico y cuidado de la persona con EPOF. La importancia en la accesibilidad es mucho mayor que la cobertura de estudios y/o prestaciones médicas, tiene particular incidencia en el Programa que se plantea a nivel federal permitiendo el trabajo en redes, centros de referencias, políticas públicas, registro de datos, médicos especialistas. Una mirada más allá de la Discapacidad.

---

## FORO: ACTIVIDAD INTERURBANA DE LA GENÉTICA

Coordinadora: Bunge M.M. Centro Regional Universitario Bariloche (CRUB)

Universidad Nacional del Comahue  
e-mail: mbunge@bariloche.com.ar

Participantes: Docentes de nivel medio de la ciudad de San Carlos de Bariloche.

Mucho se habla de los aportes de la Genética y sus potencialidades para el avance científico en medios de difusión masiva tales como programas de televisión, diarios, revistas, etc. No son pocas las películas difundidas a nivel mundial que desarrollan temáticas que presentan una base genética. Sin embargo, en algunas de ellas se introducen errores conceptuales que se arraigan fuertemente en la sociedad, generando ideas previas en los individuos que son difíciles de sustituir. Los docentes de nivel medio deberían exponer de una manera simple y didáctica temas de ciencia, incluida la genética, a alumnos que no son científicos. Para hacer frente a este desafío los docentes deben incentivar la comprensión de temas científicos que comúnmente están envueltos en un halo de misterio y magia a través de estrategias pedagógicas creativas. En este foro se proponen una serie de actividades de difusión y de interacción entre los asistentes que permitan cuestionar la veracidad de muchos de los “mitos genéticos” difundidos en la comunidad. Mediante juegos, actividades interactivas y mediante la proyección de escenas particulares de películas se indagará sobre la certeza y “base genética” de los conceptos vertidos, promoviendo el cuestionamiento por parte de los asistentes.

---

## FORO: CREACIÓN E IMPLEMENTACIÓN DE LABORATORIOS DE INVESTIGACIÓN FORENSE EN LA REPÚBLICA ARGENTINA: ALCANCES DE LOS LABORATORIOS DE GENÉTICA FORENSE

Coordinadora: Vannelli Rey S. Laboratorio Regional de Genética Forense, Poder Judicial de Río Negro.

e-mail: svannellirey@jusrionegro.gov.ar

La identificación genética humana tiene un amplio abanico de posibilidades, siendo la genética forense una de ellas. La aplicabilidad de esta disciplina en el ámbito de la administración de Justicia ha tenido y tendrá cada vez en mayor medida un gran impacto social, tanto en procesos civiles como penales. En virtud de la necesidad y trascendencia del aporte científico de ésta y otras disciplinas forenses en los procesos judiciales, el Consejo Federal de Política Criminal y el Consejo de Procuradores, Fiscales, Defensores y Asesores de la Argentina ha gestado e impulsado la conformación del primer proyecto federal de creación e implementación de los laboratorios regionales de investigación forense, que se está llevando a cabo desde el año 2010. Las presentes exposiciones tiene como objetivo poner en conocimiento de la comunidad la implementación del proyecto mencionado y la vinculación de la disciplina conocida como Genética Forense en el ámbito de la Administración de Justicia, sus posibles alcances y su valor probatorio dentro de los distintos procesos judiciales.

---

## LABORATORIOS REGIONALES DE INVESTIGACIÓN FORENSE. PROYECTO E IMPLEMENTACIÓN

Baquero Lazcano S. Procuración General del Poder Judicial de Río Negro, Consejo de Procuradores Fiscales, Defensores y Asesores de la República Argentina.

e-mail: sbaquero@jusrionegro.gov.ar

En el año 2010 se firmó un convenio de Cooperación para la Creación e Implementación de Laboratorios Regionales de Investigación Forense entre La Jefatura de Gabinete de Ministros, el Ministerio de Justicia, Seguridad y Derechos Humanos de la Nación y el Consejo de Política Criminal junto con el Consejo de Procuradores, Fiscales, Defensores y Asesores de la República Argentina quienes fueron los gestores el proyecto. En el transcurso de estos cuatro años se han ido instrumentando las distintas etapas del Convenio con la creación de Laboratorios de alta complejidad por Regiones Geográficas (Laboratorios

Cabeceras) con distintas prestaciones de servicios forenses (disciplinas) y se continúa actualmente con la implementación de los laboratorios satélites. El objetivo fundamental del Proyecto es brindar a la investigación criminal de todas las herramientas científicas y tecnológicas imprescindibles, confiables y seguras que requiere el proceso judicial, con el impacto que ello implica en contribuir a la eficacia y eficiencia del funcionamiento de los Ministerios Públicos en la resolución de los hechos delictivos.

---

### **PRESTACIONES DE LOS LABORATORIOS DE GENÉTICA FORENSE, INTERPRETACIÓN Y ALCANCES DE LOS INFORMES PERICIALES GENÉTICOS. BASES DE DATOS DE PERFILES GENÉTICOS**

Martínez G. Servicio de Genética Forense y Registro Provincial de Datos Genéticos. Superior Tribunal de Justicia de Entre Ríos.  
e-mail: gustavo\_g\_martinez@outlook.com

La genética aplicada a la investigación judicial penal y a la resolución de casos civiles en disputas de filiación ya no constituye un hecho novedoso en los estrados judiciales a nivel mundial. Desde su aceptación como prueba en causas judiciales a mediados de la década de 1980, las técnicas utilizadas para la resolución de perfiles genéticos han variado considerablemente, al punto de que actualmente casi nada tiene que ver con aquellas utilizadas en los albores de lo que hoy conocemos como Genética Forense. Si bien ya casi resulta inadmisibles no contar con una “pericia de ADN” en demandas de filiación o en causas penales donde se observen trazas de material biológico para analizar, existen aún controversias en cuanto a la interpretación correcta de los resultados periciales, las cuales no solo se dirimen en los debates orales en estrados judiciales, sino que también confluyen en discusiones mediáticas que atraviesan cada tanto las pantallas televisivas generando un particular interés social. Es crucial una necesaria formación continua de los “peritos” actuantes así como de los usuarios del sistema de justicia a los efectos de no caer en valoraciones equivocadas respecto de la correcta interpretación de los resultados que se desprenden de este tipo de estudios. Esta presentación tiene el objetivo principal de poner en conocimiento del auditorio el estado actual de las pericias genéticas en causas judiciales, la técnica utilizada, los resultados esperables, la interpretación pericial, las bases de datos de perfiles genéticos y el estado actual de la legislación a nivel nacional y de las distintas provincias.

---

### **VALOR PROBATORIO DE LOS ANÁLISIS GENÉTICOS EN LOS PROCESOS JUDICIALES**

López C.A. Fiscalía de Cámara. Ministerios Públicos de la IIIa. Circunscripción Judicial. Poder Judicial de Río Negro.  
e-mail: clopez@jusrionegro.gov.ar

El derecho ha incorporado en los distintos procesos judiciales los elementos de prueba de naturaleza biológica siendo la prueba pericial genética uno de los elementos utilizados tanto en la investigación de los vínculos biológicos entre los individuos, como en la comisión de un hecho delictivo, transformando sustancialmente el panorama probatorio. Es en este contexto donde se ve plasmada la importancia de contar con Laboratorios propios que se encuentren dentro de un proceso de estandarización, trabajando bajo las normas recomendadas por las organizaciones nacionales e internacionales y con procedimientos adecuados de controles de calidad. Los resultados genéticos serán valorados por el juzgador en forma conjunta a los demás medios de prueba. La valoración de la prueba es fundamento en todo proceso, culminando en el dictamen de la sentencia.

---

## FORO: PRODUCCIÓN OVINA

Coordinadores: Mueller J., N. Giovannini. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Bariloche.  
e-mail: joaquinmueller@gmail.com

La producción ovina argentina se concentra principalmente en la Patagonia donde fenómenos naturales como sequías, nevadas y erupciones volcánicas ocurren con frecuencia e impactan fuertemente en la producción. Los sistemas de producción abarcan todas las escalas y se caracterizan por el manejo extensivo de los animales y el bajo uso de insumos de producción. En ese contexto el productor prefiere ovinos adaptados, productivos y de fácil manejo. Ese tipo de ovinos se logra por selección y con el uso de reproductores provistos por cabañas que aplican programas de mejora genética con el objetivo deseado. En muchos casos esos programas se apoyan en los laboratorios de lana y el servicio nacional de evaluación genética de ovinos "Provino". Varios planteles puros de pedigrí de las principales razas cuentan con evaluaciones genéticas poblacionales basadas en "Provino Avanzado" y la Asociación Argentina Criadores de Merino ejecuta un programa para planteles multiplicadores basado en "Provino Básico". De todos modos, la demanda de reproductores se cubre solo parcialmente y el nivel de aprovechamiento de las herramientas genéticas podría ser mucho mayor. Las razones para esta situación son motivo de análisis y debate en este foro, como así también la búsqueda de propuestas para aumentar la aplicación de los conocimientos sobre mejora genética de ovinos.

---

## GENÉTICA OVINA. SITUACIÓN ACTUAL Y PERSPECTIVAS A NIVEL PRODUCTIVO

Nazar S. Sociedad Rural Bariloche.  
e-mail: presidencia@ruralbariloche.com.ar

La ganadería ovina en el norte de la Patagonia tiene, antes que la genética, una larga serie de asignaturas pendientes. Las catástrofes naturales hicieron estragos en las majadas, quedando campos vacíos y otros diezmados. A su vez la situación no fue asumida por políticas de fondo, con lo cual no se espera rentabilidad por 5 a 11 años. Se mantienen dificultades crónicas como la falta de infraestructura, programas sanitarios en retroceso, abigeato, y cierta renuencia entre los productores para adoptar tecnología. El manejo genético tiene en la zona un alto

nivel de desarrollo, con los programas PROVINO del INTA, con la tradición ovejera, con el seguimiento de las asociaciones de cada raza. En este contexto, deberíamos mencionar la dilapidación de recursos que representan ciertos emprendimientos que suenan tecnológicamente revolucionarios, pero que no tienen criterio. La ciencia, la tecnología y la producción deben intercomunicarse y asesorar debidamente al sector político, en todo nivel, para que el conjunto funcione correctamente. Específicamente en genética, podríamos tener en marcha programas de rastreo genómico de caracteres deseables y modelos de mejoramiento articulados con programas regionales y mundiales. El recurso humano existe, el trabajo previo también, pero estos temas están faltando en la agenda nacional.

---

## AVANCES EN GENÉTICA OVINA - SU RELACIÓN CON LA PRODUCCIÓN

Paz A. La Juciela S.A., Tierra del Fuego.  
e-mail: albertopedro.paz@gmail.com

Habitualmente en una sociedad correctamente estratificada los avances tecnológicos van por delante de sus aplicaciones prácticas. De no ser así, estaríamos en una situación de absoluto retroceso y ante un pésimo futuro. Pero debemos reconsiderar por otra parte, que luego de obtenido un avance científico, es necesario que llegue su aplicación práctica. De lo contrario el crecimiento de la producción sería la afectada y provocaría una pérdida de significancia para la investigación. Muchas pueden ser las razones por las cuales no se aplican nuevos conocimientos. Hoy intentaremos mencionar algunas de ellas, tratando ser lo más objetivo posible, ya que en el problema planteado, se involucra a dos partes que deberían estar íntimamente relacionadas: la "investigación" y la "producción". Como ejemplo de las generalidades antedichas, trataremos de analizar hoy como respondió el productor, a los servicios de Provino y Provino Avanzado, respecto de los cuales no existe ninguna objeción técnica y podrían ser una herramienta segura para un crecimiento sostenido de la producción. Sin embargo, la realidad del momento nos está mostrando que la brecha tecnológica existente entre las partes, es superior a lo que debería esperarse. Por lo tanto, el análisis de sus causas, tales como aquellas inherentes a las costumbres, el conocimiento, la economía, la extensión, etc., deberían estudiarse.

---

## PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO MERINO. PASADO, PRESENTE Y FUTURO

Epper C. Asociación Argentina Criadores de Merino.

e-mail: secretario@merino.org.ar

Esta presentación trata acerca de la evolución de los programas de mejoramiento de la raza Merino en la Argentina, y los implementados en los últimos 25 años por parte de la AACM en estrecha colaboración con el INTA. Tradicionalmente el mejoramiento de los ovinos se basaba en la clasificación de los animales superiores aplicando únicamente la “experiencia”, clasificación subjetiva. Muy pocos productores utilizaban el servicio del laboratorio de lanas de INTA Bariloche para conocer los datos referidos al diámetro de fibra y rinde al lavado (mediciones objetivas) de muestras de lana individuales de los animales. A partir del año 1991 con la firma del Convenio Provino, se implementa el servicio de evaluación genética de ovinos, sistematizándose desde la toma de muestras para su análisis hasta la información final del grupo evaluado, informando el mérito genético de los reproductores. Dentro del marco del “Provino” la AACM desarrolló junto al INTA los siguientes programas: 1) Pruebas de Progenie, 2) Puro por Cruza (con mediciones objetivas), 3) Merino Puro y Merino Puro Registrado, 4) Provino Avanzado y 5) ADN. A partir del año 2005, con la introducción del Dohne Merino, se implementaron los registros genealógicos (RRGG) de la raza con registros de producción e inspección fenotípica. Desde al año 2007 la AACM administra los RRGG de la raza Merino, por lo que al contar con la base de datos de la genealogía de la raza, potencia la implementación del Provino Avanzado.

---

## VEINTE AÑOS DE MEJORA GENÉTICA EN LA ESTANCIA LAGUNA COLORADA

Aldridge G., F. Milicevic. Estancia Laguna Colorada, Santa Cruz.

e-mail: aldridge@speedy.com.ar; milicevic.francisco@inta.gob.ar

Laguna Colorada S.A. es una empresa familiar, actualmente en su tercera generación, que se dedica a la cría de ovinos. El establecimiento está situado en el área ecológica denominada Estepa Magallánica Seca al sur de la Provincia de Santa Cruz, en el Departamento de GüerAike. El sistema de producción se caracteriza por la cría extensiva sobre pastizales naturales, lo cual genera una alta dependencia a factores externos que modelan

la productividad y ponen en riesgo la seguridad de todo el sistema. Con el objeto de asegurar la continuidad de la empresa familiar, se intenta maximizar el uso de los recursos disponibles. En la actualidad la venta de carne participa fuertemente de la estructura de ingresos de los establecimientos, por ello no es posible descuidar la adaptabilidad de los animales que nos otorga la cantidad y la calidad de corderos logrados; sin embargo la definida tendencia a extender la brecha de precios entre las diferentes finuras de la lana cruda fina ha marcado la necesidad de producir un afinamiento en la lana de la raza local, el Corriedale. Con el rumbo marcado hacia el “doble propósito”, en la búsqueda de animales grandes y descubiertos, buenos productores de carne pero sobre todo también productores de lana fina hace ya más de 20 años se inició la formación de un plantel abierto y un programa de mejoramiento genético mediante la utilización de mediciones objetivas. Se utilizan índices PROVINO como herramienta para la selección progresiva anual sobre la totalidad de los borregos/as y carneros. A partir de 2003 se da preponderancia al afinamiento de la lana por lo que se utilizan los índices apropiados, logrando rápidamente una fuerte disminución en la finura de los reproductores y posteriormente en el promedio de la producción de la majada comercial.

---

## APLICACIÓN DE PROVINO BÁSICO EN CAMPOS DE PEQUEÑOS Y MEDIANOS PRODUCTORES

Nestares S. Asesor privado, Río Negro.

e-mail: giovannini.nicolas@inta.gob.ar

PROVINO Básico, consiste en una importante herramienta de trabajo a la hora de seleccionar reproductores. Con ella es posible identificar los animales genéticamente superiores en base a información objetiva y de acuerdo a un objetivo de selección preestablecido. Sin embargo, este proceso de selección debe ser acompañado por un trabajo de corral. Este trabajo se refiere a la inspección visual la cual tiene por objetivo identificar virtudes y/o defectos no detectables por los instrumentos de medición. Los mencionados criterios aplicados en situaciones reales de pequeños y medianos productores son los que se pretenden presentar aquí.

---

## FORO: ACERCA DE LA ENSEÑANZA Y APRENDIZAJE DE LA GENÉTICA EN EL NIVEL MEDIO Y UNIVERSITARIO

Coordinadora: Soliani C. EEA INTA Bariloche, CONICET.  
e-mail: soliani.carolina@inta.gob.ar

El objetivo de este Foro es el de propiciar un espacio de intercambio y reflexión entre estudiantes, docentes universitarios e investigadores en didáctica de las ciencias, considerando como eje central de discusión la formación académica y científica en Genética. En un contexto donde los avances científico-tecnológicos que involucran a la Genética van *in crescendo*, se pretende analizar qué contenidos y estrategias didácticas utilizan los docentes del nivel medio para lograr un aprendizaje significativo de sus alumnos. En este marco, se presentarán los recursos metodológicos y materiales utilizados en las clases de Genética en las escuelas de Río Negro. Asimismo, se discutirá la formación y el perfil profesional alcanzado por el egresado universitario. En primer lugar, se profundizará en el análisis de los pre-conceptos de los estudiantes sobre la Genética, en el ingreso a la Universidad. Luego, se presentarán las experiencias de estudiantes de grado en el cursado de la materia Genética y en las decisiones que deben tomar para definir y concretar su trabajo final de tesis. Más tarde, se analizarán los logros alcanzados por los egresados de las Licenciaturas en Genética en Argentina durante su formación, que como profesionales logran insertarse en los sistemas académico, científico, productivo y de ciencias de la salud. Finalmente, veremos como la investigación centrada en la psicología cognitiva y la naturaleza de la ciencia, asisten a la enseñanza de la Genética e intentan promover el cambio conceptual. Es de esperar que en este Foro el punto de encuentro entre los diversos actores de la comunidad educativa sea el de mejorar la enseñanza y el aprendizaje de la Genética.

---

## LA ENSEÑANZA DE LA GENÉTICA EN EL NIVEL MEDIO. UNA APROXIMACIÓN DESDE LAS ESCUELAS RIONEGRINAS

López E.A.<sup>1</sup>, S.G. Miori<sup>2</sup>, M.J. Rassetto<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Docente de Didáctica de la Biología y Prácticas Docentes, Universidad Nacional del Comahue. <sup>2</sup>Profesora de Ciencias Biológicas de Nivel Medio, Coordinadora de ADBiA (Sede Bariloche). <sup>3</sup>Profesora de Biología Humana y Didáctica de las Ciencias Naturales, Universidad Nacional del Comahue.  
e-mail: eduardoalopez@hotmail.com

Esta presentación es parte del proyecto de investigación “Enseñar Ciencias. Formación y Práctica Docente”. Entre sus objetivos se cuenta caracterizar la práctica docente en la enseñanza de las ciencias en diversos contextos educativos. En relación a la Genética, entendemos que sus contenidos poseen un valor indiscutido en la educación secundaria y, sin dudas, revisten gran dificultad a la hora de enseñar, constituyendo su aprendizaje un verdadero desafío para los alumnos. Por lo dicho, exige de los profesores de Biología una constante actualización disciplinar y didáctica. En Argentina no existe una propuesta curricular para nivel medio que establezca los contenidos relacionados con la genética y, menos aún, recomendaciones metodológicas. Suponemos que este vacío curricular repercute negativamente en las rutinas de enseñanza de los docentes. En este contexto, se presentan los primeros resultados de una investigación centrada en la enseñanza de la genética en escuelas secundarias de San Carlos de Bariloche y Línea Sur, provincia de Río Negro. Se focaliza en los contenidos, metodologías, materiales didácticos y otros recursos que utilizan los docentes en sus clases de Genética, y se comparan con las recomendaciones y consideraciones presentes en la investigación actual proveniente del campo de la didáctica de las ciencias naturales. Además, se expone una revisión de los libros de texto que más utilizan los docentes encuestados y se discute su adecuación a las recomendaciones mencionadas.

---

## EVOLUCIÓN CONCEPTUAL SOBRE GENÉTICA EN INGRESANTES UNIVERSITARIOS

Navarro Venega J.I., J. Farina, M.J. Rassetto. Cátedra Biología Humana, Facultad de Ciencias de la Educación, Universidad Nacional del Comahue.  
e-mail: jinavarrovenegas@yahoo.com.ar

Este trabajo es parte del proyecto de investigación “Enseñar Ciencias. Formación y Práctica Docente” que tiene entre sus objetivos, indagar los conceptos previos y los avances en los conocimientos sobre genética, en ingresantes universitarios. Los contenidos sobre Genética y herencia integran el programa de la asignatura Biología Humana, primer cuatrimestre de primer año de la carrera de Psicología de la Universidad Nacional del Comahue. Con la finalidad de conocer las concepciones previas de los estudiantes y a partir de ellos diseñar estrategias didácticas para la construcción del conocimiento sobre genética, se aplicó un cuestionario inicial con preguntas referidas

a: ADN, genes, cromosomas relacionados con células somáticas y sexuales. Las respuestas obtenidas fueron analizadas desde perspectivas cuanti y cualitativas. A partir de los resultados, se diseñó una estrategia didáctica que incluyó actividades como representaciones gráficas, videos, explicación del profesor, análisis bibliográfico, uso de un *software*, redacción de textos explicativos, evaluación de los aprendizajes. Los resultados indican que, de manera general, al finalizar el curso, los estudiantes pudieron desarrollar una comprensión más compleja de los conceptos enseñados, que se evidenció en la utilización de vocabulario específico y la integración de conceptos en la construcción de textos explicativos. Al mismo tiempo, se considera que la propuesta didáctica debe ser implementada en diversos contextos educativos para continuar profundizando la construcción del conocimiento didáctico del contenido de genética en la universidad.

---

## EXPECTATIVAS Y EXPERIENCIAS EN EL CURSO DE GENÉTICA: UNA MIRADA DE LOS ESTUDIANTES

Herrera C.F., S.I. Reyes, M. Zambrano. Asociación de Estudiantes de Biología (As.E.Bi.), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta (UNSa), Salta, Argentina.

e-mail: armandohero1@gmail.com

La mayoría de los estudios efectuados en la enseñanza de esta disciplina fueron realizados desde la perspectiva de profesionales, por lo cual una visión estudiantil abre paso a un campo prácticamente inexplorado. Este trabajo tiene como objetivo conocer expectativas, experiencias de los alumnos con respecto al cursado de genética, como así también la manera en que aprovechan los recursos ofrecidos por la cátedra y como resultado su rendimiento académico. La investigación se realizó en dos etapas, un análisis documental y la aplicación de cuestionarios anónimos a estudiantes, auxiliares y docentes. La mayoría de los alumnos esperaba aplicar lo aprendido de forma experimental. Las expectativas de los alumnos coinciden con uno de los objetivos de la cátedra. En cuanto a experiencias, consideran que lo aprendido en el área de genética es necesario, pero no suficiente. El rendimiento varió entre cohortes, sin embargo todos los años superó el 50% del total de inscriptos a pesar de los posibles factores que lo influyen. Sería interesante realizar estudios comparativos para determinar si las diferencias en cuanto a rendimiento se deben a preconcepciones o a problemas cognitivos.

---

## FORMACIÓN EN INVESTIGACIÓN GENÉTICA EN ESTUDIANTES DE GRADO EN EL CAMPO DE LAS CS. DE LA SALUD

Escobar G.A.E. Federación Argentina de Estudiantes de Biología -Filial Corrientes (F.A.E.B.)-, Instituto Médico Forense/Lab. Genética y Mutagénesis Ambiental, Universidad Nacional del Nordeste y Federación Internacional de Asociaciones de Estudiantes de Medicina (I.F.M.S.A).

e-mail: geryem@hotmail.com

Mediante la presente contribución se pretende describir las oportunidades para con la formación científica de los estudiantes de la salud en el campo de la genética. Estas resultan importantes para el desempeño del futuro profesional así como para el desarrollo académico del individuo. El desconocimiento de las producciones científicas en el seno de las carreras representa un problema al momento de la búsqueda de directores de los trabajos finales de graduación, donde el tema a investigar es lo fundamental. El alumno se conforma con trabajos de la línea del director que resulte accesible a guiarlo. Es también posible iniciar la búsqueda de algún director que esté relacionado a la idea que tiene el estudiante. Es así que esto requiere dar apoyo y asesoramiento a fin de comprender y potenciar la independencia y flexibilidad del aprendizaje. Según la UNESCO el estudiante debe adoptar una postura importante en su educación, como un catalizador a fin de ajustar el sistema de formación. Entonces es primordial reflexionar acerca de las necesidades del alumno en estas cuestiones, plantear como se aprende, brindar situaciones donde aplicarlas, a fin de tener la experiencia.

---

## EDUCACIÓN EN GENÉTICA: IMPACTO DE LAS LICENCIATURAS EN GENÉTICA

Miretti M.M.<sup>1</sup>, S. Pistorale<sup>2</sup>, F. Pantuso<sup>3</sup>, C. Pastori<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Licenciatura en Genética, FCEQyN, Universidad Nacional de Misiones. <sup>2</sup>Licenciatura en Genética, Universidad Nacional del Noroeste de Buenos Aires.

<sup>3</sup>Licenciatura en Genética Universidad Nacional de Morón.

e-mail: pastoricristina@gmail.com

Las Licenciaturas en Genética de Argentina ofrecen una formación intensiva, exclusiva integral, holística, con fuerte carga horaria en genética. La enseñanza de los contenidos de genética se constituye en ejes transversales para la formación de grado en ciencias biológicas, de la salud, al igual que los contenidos de otros campos disciplinares tales como evolución, ética, informática, entre otros. El trabajo final de graduación es una de las

características en común de las Licenciaturas que permite al alumno involucrarse en su futuro campo profesional. Esta formación general y específica a la vez posibilita al egresado insertarse en diferentes ámbitos de los sistemas académico, científico, productivo y de ciencias de la salud. El desarrollo profesional en divulgación científica y servicios representan todavía un desafío en el que se han conseguido avances iniciales. Las posiciones logradas por los egresados de las Licenciaturas en Genética reflejan la transversalidad de los contenidos trabajados durante la formación, destacándose la integración de equipos de trabajo multidisciplinarios y el liderazgo en investigación y servicios en las áreas de biotecnología y ciencias de la salud en instituciones nacionales e internacionales públicas y privadas.

---

## APORTES DE LA NATURALEZA DE LAS CIENCIAS Y LA PSICOLOGÍA COGNITIVA A LA ENSEÑANZA DE LA GENÉTICA

González Galli L. Instituto CEFIEC, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.  
e-mail: leomgalli@gmail.com

En esta presentación se ofrecerán algunas reflexiones sobre la enseñanza y el aprendizaje de la genética basadas en los conceptos de *naturaleza de las ciencias*, *resolución de problemas* y *obstáculos epistemológicos*. La *naturaleza de las ciencias* busca incorporar contenidos metacientíficos (historia de la ciencia, epistemología de la ciencia, etc.) a la enseñanza de las ciencias naturales. En relación con esta área se sugerirá la necesidad de un trabajo didáctico centrado en el análisis del discurso dominante en los medios masivos de comunicación sobre el concepto de gen. Por otro lado, se discutirá la naturaleza y utilidad de los tradicionales “problemas” de genética mendeliana a la luz de los actuales análisis sobre la importancia de la *resolución de problemas* para el aprendizaje de las ciencias. Finalmente, se discutirá el rol que ciertos modos de pensar de los estudiantes pueden jugar en el aprendizaje de estos contenidos. En relación con este problema se reseñarán algunas investigaciones en psicología cognitiva (en particular, la línea llamada “biología intuitiva”) y se las relacionará con el concepto de *obstáculo* de la didáctica de las ciencias naturales. Se contrastarán las prescripciones derivadas de estos marcos teóricos con aquellas asociadas a los diversos modelos del cambio conceptual.

---

## APORTES DE LA NATURALEZA DE LAS CIENCIAS Y LA PSICOLOGÍA COGNITIVA A LA ENSEÑANZA DE LA GENÉTICA

González Galli L. Instituto CEFIEC, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.  
e-mail: leomgalli@gmail.com

En esta presentación se ofrecerán algunas reflexiones sobre la enseñanza y el aprendizaje de la genética basadas en los conceptos de *naturaleza de las ciencias*, *resolución de problemas* y *obstáculos epistemológicos*. La *naturaleza de las ciencias* busca incorporar contenidos metacientíficos (historia de la ciencia, epistemología de la ciencia, etc.) a la enseñanza de las ciencias naturales. En relación con esta área se sugerirá la necesidad de un trabajo didáctico centrado en el análisis del discurso dominante en los medios masivos de comunicación sobre el concepto de gen. Por otro lado, se discutirá la naturaleza y utilidad de los tradicionales “problemas” de genética mendeliana a la luz de los actuales análisis sobre la importancia de la *resolución de problemas* para el aprendizaje de las ciencias. Finalmente, se discutirá el rol que ciertos modos de pensar de los estudiantes pueden jugar en el aprendizaje de estos contenidos. En relación con este problema se reseñarán algunas investigaciones en psicología cognitiva (en particular, la línea llamada “biología intuitiva”) y se las relacionará con el concepto de *obstáculo* de la didáctica de las ciencias naturales. Se contrastarán las prescripciones derivadas de estos marcos teóricos con aquellas asociadas a los diversos modelos del cambio conceptual.

---

## FORO: OTROS ENFOQUES SOBRE LA BIODIVERSIDAD: LA CONSERVACIÓN A TRAVÉS DEL USO

Coordinadores: Ladio A.<sup>1</sup>, M. Sedrez do Reis<sup>2</sup>. <sup>1</sup>INIBIOMA, Universidad Nacional del Comahue-CONICET. <sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina, Departamento de Fitotecnia, Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais (NPFT/ UFSC). e-mail: ahladio@gmail.com

La conservación de los recursos naturales es uno de los temas más significativos en estos tiempos. En este sentido, el paradigma conservacionista ha dominado las esferas académicas y técnicas de los organismos de gestión, el cual se basa en el establecimiento de áreas naturales protegidas, que son reguladas por normas y convenios nacionales e internacionales, pero que lamentablemente ha recreado una gran dicotomía entre “pueblos” y “parques”. A partir de los años 90', un nuevo paradigma comenzó a gestarse incorporando una nueva mirada a la conservación que incluye el accionar de los seres humanos como eje principal, es decir la conservación a través del uso. En este simposio trataremos de dar evidencias de carácter etnobiológico, ecológico y genético, dando pruebas acerca del papel de las culturas en el moldeado y conservación de los paisajes y sus recursos animales y vegetales. Nuestro hincapié será reflexionar sobre las distintas evidencias que muestran que algunas sociedades tradicionales bajo las formas de apropiación colectiva del ambiente, su “saber-hacer” y junto con normas y reglas consuetudinarias han evitado el exceso de uso de los recursos y se ha promovido la diversidad de manera sostenible.

---

## CARAGUATÁ: DE POBLACIONES NO MANEJADAS A CERCAS VIVAS - UN CONTINUUM DE DOMESTICACIÓN DEL PAISAJE

Filippon S., M. Sedrez do Reis. Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil.  
e-mail: samabio82@gmail.com

La domesticación es un proceso en el que poblaciones y ambientes/paisajes son ajustados a los intereses y necesidades de los humanos. Tal proceso puede generar modificaciones fenotípicas y genéticas en diferentes intensidades. Este trabajo buscó evidencias de domesticación de *Bromelia antiacantha* (caraguatá) por medio del estudio de los efectos del uso y manejo del paisaje sobre la demografía

y diversidad genética de poblaciones de la especie en el Sur del Brasil. Fueron realizados estudios etnobotánicos y demográficos en ambientes bajo distintas prácticas locales de manejo; caracterización genética de estas poblaciones. La práctica de confección de cercas es antigua pero todavía bastante utilizada. Según los agricultores, los propágulos para la confección de cercas son obtenidos en la propiedad, en áreas de bosque y también recolectadas de *calvas*. Los resultados indican que vigor y tamaño son características determinantes en la elección de los propágulos. La densidad varió entre las situaciones de uso, con mayor densidad (vegetativa y reproductiva) en las cercas. Las unidades de paisaje con mayor interferencia humana, no implicó en una reducción de diversidad genética o alteración en las tasas de cruzamiento. Así, la cerca de caraguatá permite la potenciación de la conservación de la especie en nivel metapoblacional, por lo tanto, el papel de los agricultores con sus sistemas de manejo del paisaje (destinada a la producción de yerba mate y ganado vacuno) es imprescindible en la conservación *in situ on farm* de la misma.

---

## YERBA MATE NATIVA EN SUR DE BRASIL: PAISAJES CULTURALES, DISTINTAS PRÁCTICAS DE MANEJO Y DIVERSIDAD MORFOLÓGICA

Mattos A.G., M. Sedrez do Reis. Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil.  
e-mail: andrea.gmattos@gmail.com

Varias especies vegetales de la Mata Atlántica fueron objeto de manejo y explotación en diversos grados, resultando en cambios en las especies y el propio paisaje. En el Sur de Brasil, la yerba mate es el principal recurso forestal no maderable, presentando diversos usos desde antes de la llegada de los europeos. Actualmente, los yerbales siguen siendo manejados por los agricultores familiares. Con la realización de entrevistas etnobotánicas (33) y el acompañamiento de parcelas permanente (25) fue posible verificar que los paisajes con yerba mate presentaron diferencias de acuerdo con el manejo realizado. La mayoría de las propiedades (67%) tiene un área menor que 50 hectáreas. El 76%, posee entre un 40-70% de cobertura forestal con presencia de yerba mate manejada. Los estudios revelaron dos tipologías de manejo: a) manejo simplificado tradicional (yerbal explotado con prácticas simples y poca

intervención humana) y b) manejo tradicional de “*Caíva*” (yerbal explotado con prácticas locales de manejo, crianza de animales en el sotobosque e intervención humana intensa). Cuando se analizó la diversidad morfológica de la yerba mate en estas tipologías, se encontró una gran diversidad de morfotipos, siendo mayor la diversidad de formatos de hoja en el “manejo tradicional simplificado”. El hecho de que estos paisajes están en constante explotación pero no son desforestados, indica que las poblaciones locales (agricultores/recolectores) están favoreciendo la conservación *in situ on farm* de la especie a través del uso en los remanecientes forestales.

---

### ***Araucaria araucana*, PAISAJE CULTURAL Y ETNOCONSERVACIONISMO**

Ladio A.<sup>1</sup>, M. Sedrez do Reis<sup>2</sup>. <sup>1</sup>INIBIOMA, Universidad Nacional del Comahue-CONICET. <sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina, Departamento de Fitotecnia, Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais (NPFT/ UFSC). e-mail: ahladio@gmail.com

*Araucaria araucana* (pewén) ha sido fuente de alimento para las culturas patagónicas desde tiempos ancestrales, sin embargo su dimensión cultural no ha sido tenida en cuenta en los programas de conservación. En este trabajo se revisan y describen antecedentes sobre el papel de las culturas locales en la construcción de un paisaje cultural para la obtención de alimento. La metodología se basó en un exhaustivo análisis bibliográfico junto con trabajo etnobotánico de campo. Los registros arqueológicos evidencian el uso de piñones por lo menos hace unos 2.000 años A.P. por grupos indígenas Mapuche-Pehuenche. El pewén es una especie clave cultural, que ha sido objeto de prácticas de manejo *in situ* y *ex situ*, mediante el favorecimiento, el cuidado y el cultivo de la especie en el ámbito doméstico. También se han desarrollado técnicas de almacenamiento, procesamiento y transporte que continúan hasta el presente entre los pobladores locales. Estos paisajes han sido humanizados desde tiempos precolombinos, siendo parte representativa de su cosmovisión y territorialidad. La hipótesis de domesticación de los paisajes con pewén está siendo examinada de manera de comprender cómo este paisaje ha sido construido a la medida y a la manera de la cultura Mapuche. Esta nueva aproximación de los paisajes culturales, que considera la importancia de las sociedades como modeladoras del paisaje natural brinda nuevas perspectivas en las políticas y acciones de conservación en la región.

---

### **LOS OTROS ANIMALES. CONSERVACIÓN A TRAVÉS DEL USO DE CABRA CRIOLLA, OVEJA LINCA Y LA GALLINA ARAUCANA EN LA PATAGONIA**

Lanari M.R. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria Bariloche. e-mail: lanari.mariarosa@inta.gob.ar

La selección de animales con criterios exclusivamente económicos ha conducido a un estrechamiento de la base genética y a una pérdida de diversidad, extrema en algunos casos en los que se valora la uniformidad, facilitando una producción cuasi industrial. Sin embargo han subsistido otros animales, criados mayormente bajo condiciones ambientales extremas por pequeños productores. Considerando que la diversidad genética de las poblaciones de animales domésticos puede ser mantenida sólo en el contexto social y ambiental que les dio origen se ha planteado la puesta en valor de poblaciones animales propias de sistemas productivos familiares en la Patagonia. Estos otros animales son seleccionados en base a criterios productivos, estéticos, funcionales, culturales, interpretando y reforzando la selección natural. Los casos de la Cabra Criolla Neuquina, la oveja Linca y la gallina Mapuche o Araucana presentan analogías en su significado para las poblaciones rurales, originarias o campesinas, de la región. Estos animales son criados por grupos sociales particulares que sostienen un fuerte vínculo cultural y afectivo hacia ellos. Crianceros, mujeres artesanas, campesinos y comunidades originarias, valoran sus animales no solo por su producción sino también porque forman parte de sus tradiciones y cultura. Los productos de estas razas locales son asimismo emblemáticos: el “Chivito Criollo del Norte Neuquino”, primera Denominación de Origen en el país; los tejidos elaborados con lana Linca y los huevos verdes de la Gallina Araucana expresan la identidad regional. Se plantea la necesidad de poner en valor estos recursos locales, a fin de preservarlos de la erosión y dilución genética que los amenaza.



ESPACIO JOVEN



**ESPACIO JOVEN**

Coordinador: Rodríguez G.R. Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, CONICET.  
e-mail: grodrig@unr.edu.ar

**2014**

**ORIGEN Y ESTABLECIMIENTO DE NEOPOLIPLOIDES EN POBLACIONES NATURALES DE *Turnera sidoides***

Kovalsky I.E. Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Corrientes (Argentina). Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE).  
e-mail: evelinkov@yahoo.com.ar

*Turnera sidoides* ( $x=7$ ) es un complejo autopoliploide de hierbas perennes con niveles de ploidía desde  $2x$  hasta  $8x$ . A fin de contribuir a la comprensión de los mecanismos de origen y establecimiento de los neopoliploides de este complejo, se analizaron citogenéticamente poblaciones diploides naturales y experimentales de *T. sidoides*. Los resultados revelaron una gran variación en la frecuencia de producción de polen  $2n$  y  $4n$  y aportaron las primeras evidencias de producción de gametos femeninos  $2n$ . La restitución nuclear en la primera división meiótica sería el principal mecanismo citológico involucrado en la producción de gametos  $2n$ . El análisis de las esporadas y la viabilidad del polen demostraron que los  $3x$  no son completamente estériles y forman gametos viables  $n$  y  $2n$ . La capacidad de producir polen  $2n$  no se transmitiría por herencia mendeliana simple. La frecuencia de neopoliploides detectada concuerda con la frecuencia esperada en especies diploides no híbridas. Los citotipos están segregados espacialmente aunque, a escala de micrositio, coexisten individuos  $2x$  y  $3x$  junto a productores de gametos masculinos y/o femeninos  $2n$ . La poliploidización sexual (unilateral y bilateral) sería el mecanismo de origen de poliploides en el complejo. El establecimiento de neopoliploides constituiría una etapa crítica, siendo su baja frecuencia el resultado de fallas en el establecimiento y no de su baja tasa de formación. La producción de gametos  $2n$  aumentaría la probabilidad de establecimiento y la persistencia de los neopoliploides en las poblaciones diploides de *T. sidoides*.

**ESTUDIO DEL ROL DEL FLUJO GÉNICO Y DE LA DERIVA GENÉTICA EN LA DETERMINACIÓN DE LA ESTRUCTURA DE LAS POBLACIONES FRAGMENTADAS DE *Anadenanthera colubrina* VAR. CEBIL (FABACEAE, FABALES)**

Barrandeguy M.E. Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. Instituto de Biología Subtropical (UNAM-CONICET).  
e-mail: ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

Flujo génico es un término amplio que incluye todos los mecanismos resultantes en el movimiento de genes entre poblaciones, ocurriendo en especies vegetales mediante el movimiento del polen y de las semillas. *Anadenanthera colubrina* var. cebiles un recurso nativo Sudamericano cuya distribución en Argentina se restringe a las provincias fitogeográficas Paranaense y de las Yungas. La hipótesis sobre la cual se sustentó el presente trabajo sostiene que el flujo génico homogeneiza las frecuencias génicas entre las poblaciones contrarrestando los efectos de la deriva genética provocados por la fragmentación. Los objetivos generales de este trabajo fueron: indagar acerca del rol evolutivo del flujo génico y de la deriva genética como fuerzas modeladoras de las frecuencias génicas en las poblaciones fragmentadas y determinar la importancia del movimiento de los alelos a través de la dispersión de las semillas y del polen. Se estudiaron 69 individuos pertenecientes a cuatro poblaciones del Norte argentino empleando marcadores microsatélites nucleares específicos, desarrollados para esta especie en el presente trabajo, y microsatélites cloroplásticos utilizando cebadores universales. Se estimó diversidad genética, estructuración genética y flujo génico de manera indirecta. Además, se analizó la proporción relativa de flujo génico mediado por polen y semillas. La hipótesis de trabajo no se rechaza al considerarse el rol del flujo génico y de la deriva genética a nivel del genoma nuclear mientras que, a nivel del genoma cloroplástico, la deriva genética ha jugado el rol principal.

## RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS EN GIRASOL: EVALUACIÓN FENOTÍPICA, BIOQUÍMICA Y DE LA EXPRESIÓN DE GENES AHAS

Breccia G. Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.  
e-mail: gbreccia@unr.edu.ar

La resistencia a herbicidas imidazolinonas (IMI) en girasol de la fuente *Imisun* está controlada por dos loci: *Imr1* e *Imr2*. El primer locus se corresponde con una mutación de *ahas1*, uno de los tres parálogos que codifica para la subunidad catalítica de la acetohidroxiácido sintasa (AHAS). Se desconoce el mecanismo relacionado con el locus *Imr2*. Los objetivos de este trabajo fueron caracterizar la resistencia a IMI en estadios tempranos del desarrollo y cuantificar la expresión de los genes *ahas* en girasol. Bioensayos de germinación en condiciones controladas permitieron caracterizar la respuesta a imazapir en genotipos con distinto grado de resistencia a IMI. El crecimiento y desarrollo del sistema radical y la expansión del primer par de hojas fueron los parámetros más sensibles para discriminar estos genotipos. La actividad AHAS *in vivo* permitió distinguir genotipos que difieren a nivel de *Imr1*. Los niveles de transcriptos *ahas* fueron cuantificados mediante RT-qPCR en hojas y raíces de plántulas control y tratadas con IMI. Estos niveles se correspondieron con la actividad AHAS evaluada *in vivo* e *in vitro*. El tratamiento con IMI produjo respuestas tejido y gen-específicas. Para evaluar la participación de citocromo P450 monooxigenasas (P450s) en la detoxificación del herbicida, se evaluó la respuesta bajo el tratamiento combinado de IMI e inhibidores de P450s. Se observó una disminución de parámetros de crecimiento por el tratamiento combinado en la línea resistente por lo que existiría un mecanismo de detoxificación del herbicida mediado por P450s. Éste estaría relacionado al locus *Imr2* y completaría la resistencia conferida por la mutación en *ahas1*.

## ANÁLISIS GENÓMICO DEL CONTENIDO Y COMPOSICIÓN DE LÍPIDOS DE LA CARNE EN NOVILLOS BRANGUS

Baeza M.C. Facultad de Ciencias Agrarias, Unidad Integrada Balcarce, UNMDP.  
e-mail: cecinini@hotmail.com

El objetivo de este trabajo fue contribuir a la caracterización genética de la composición de ácidos grasos (AG) de la carne en novillos Brangus. Se obtuvieron los perfiles de AG del músculo *Longissimus lumborum* (LL) de 246 novillos por GC-FID. Se determinaron los genotipos para 57 tag-SNPs en 15 genes candidatos en los 246 novillos Brangus y en 177 novillos de razas europeas. Se detectaron marcadas diferencias en las frecuencias alélicas entre biotipos. Se realizó un estudio de asociación en el que se detectaron efectos significativos de SNPs en los genes GHR y STAT6 sobre el espesor de grasa dorsal y el porcentaje de grasa intramuscular; de SNPs en el gen SCD1 sobre los índices  $C14:1/(C14:0+C14:1)$  y  $C18:1/(C18:0+C18:1)$  y de un SNP en SCD5 sobre el índice  $C16:1/(C16:1+C16:0)$ . Se evaluó la expresión génica de SCD1 y SCD5 mediante RT-qPCR con el fin de explorar una potencial especificidad de sustratos. Animales con un cociente  $C16:1/(C16:1+C16:0)$  elevado presentaron mayor expresión de SCD5 que animales controles ( $P < 0,08$ ), mientras que la expresión de SCD1 permaneció sin cambios. Los resultados obtenidos pueden tener implicancias en varios aspectos: a) en la optimización de la calidad de la carne de Brangus, ya que se han detectado alelos no deseables del Brahman segregando en la raza compuesta; b) en la producción de carne, dado que se sientan las bases para validar nuevos marcadores moleculares para selección asistida; y c) a nivel de la fisiología del bovino, ya que se han generado indicios acerca de nuevos mecanismos de regulación en la desaturación de los AG en bovinos.

2013

## HISTORIA EVOLUTIVA DE *Nothofagus pumilio* Y *N. antarctica*, CONSERVACIÓN Y MANEJO DE SUS RECURSOS GENÉTICOS

Soliani C<sup>1,2</sup>, P Marchelli<sup>1,2</sup>, L Gallo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Bariloche. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina.

e-mail: csoliani@bariloche.inta.gov.ar

Los bosques Patagónicos han pasado por múltiples disturbios a distintas escalas espacio-temporales que impactaron sobre la diversidad genética de sus especies. *Nothofagus pumilio* y *N. antarctica* son especies nativas de amplia distribución que hibridan naturalmente. Para conocer la ubicación de centros de diversidad, refugios cuaternarios, rutas migratorias y zonas de contacto, se aplicaron marcadores genéticos (ADNcp y SSRs desarrollados *de novo*) en 41 poblaciones. El flujo génico y la caracterización del sistema de apareamiento complementan la reconstrucción histórico-evolutiva. Los resultados confirman la existencia de una zona de transición hacia los 42°-46°S que marcó un quiebre filogeográfico durante las últimas glaciaciones, con dos linajes geográficamente segregados en el ADNcp. Además, ambos tipos de marcadores muestran un patrón de variación clinal (latitudinal) y evidencias de encuentro de rutas migratorias en latitudes intermedias (42°S). La elevada riqueza alélica en algunas poblaciones podría reflejar sitios de refugio prioritarios en conservación. Los marcadores SSRs sugieren hibridación bidireccional superando los antecedentes conocidos hasta el momento. Durante la colonización y expansión poblacional la frecuencia de estos eventos habría aumentado. Se evaluó también el impacto del manejo en la diversidad genética y entre los 42°-46°S se definieron áreas genéticamente homogéneas. Este primer paso en la definición de unidades de manejo sugieren acciones de restauración ecológica o asistencia a la regeneración natural respetando las áreas planteadas.

## ANÁLISIS DE LA CONSTITUCIÓN GENÓMICA DE LAS ESPECIES DE LA SECCIÓN *Rhizomatosae* DEL GÉNERO *Arachis* MEDIANTE CITOGENÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR

Ortiz A<sup>1</sup>, G Lavia<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas Naturales y Agrimensura.

e-mail: ortizalejandr@gmail.com

La sección *Rhizomatosae* está definida exclusivamente por la presencia de cuatro especies que poseen rizomas como medio principal de reproducción, tres de ellas son tetraploides (*A. glabrata*, *A. pseudovillosa*, *A. nitida*) y una diploide (*A. burkartii*) con  $x=10$ . Esta sección posee un interés particular por: a) la presencia de la especie forrajera *A. glabrata*, para la cual su difusión masiva se halla limitada por la baja producción de semillas y b) el aislamiento genético detectado entre la única especie diploide y los tetraploides. Sin embargo, estudios de cruzamientos interespecíficos, marcadores moleculares y secuencias de ADN evidenciaron cierta similitud genética entre los tetraploides rizomatosos y diploides pertenecientes a otras secciones. Sobre la base de estos antecedentes, en esta tesis se realizó: 1) la caracterización meiótica, cariotípica y genómica, mediante técnicas de Feulgen, bandeado CMA/DAPI y mapeo de loci ribosomales por FISH de las cuatro especies de la sección *Rhizomatosae*; 2) el análisis cariotípico comparativo entre los tetraploides rizomatosos y entidades diploides afines de las secciones *Rhizomatosae*, *Erectoides* y *Procumbentes* y 3) el análisis de las afinidades genómicas entre el tetraploide *A. glabrata* y diversos diploides mediante GISH. A partir de los resultados obtenidos se analizó la correlación entre las irregularidades meióticas y la baja producción de semillas en los tetraploides rizomatosos, la naturaleza de la poliploidía de los tetraploides y las afinidades genómicas entre los tetraploides y diploides a fin de esclarecer las relaciones evolutivas dentro de la sección *Rhizomatosae* e inferir el origen genético de los tetraploides.

## CONSTRUCCIÓN DE UN MAPA DE LIGAMIENTO EN *Cynara cardunculus* L. BASADO EN MARCADORES MOLECULARES Y LOCALIZACIÓN DE GENES DE INTERÉS AGRONÓMICO

Martin E<sup>1</sup>, E Cointry<sup>2</sup>, V Cravero<sup>1</sup>. <sup>1</sup>CONICET. <sup>2</sup>Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Fac. de Cs. Agrarias. Universidad Nacional de Rosario.

e-mail: eamartin@unr.edu.ar

La especie *Cynara cardunculus* L. (Asteracea), originaria de la región Mediterránea, incluye tres variedades botánicas: var. *scolymus* (alcachofa o alcaucil), var. *altilis* (cardo cultivado) y var. *sylvestris* (cardo silvestre). Con el fin de establecer un marco genético con variedades locales de la especie, se procedió al desarrollo de un mapa de ligamiento. La población de mapeo fue generada a partir del cruzamiento intraespecífico entre un genotipo local de cardo silvestre (progenitor femenino) y un genotipo de alcaucil “Estrella del Sur FCA” (progenitor masculino), siguiendo la estrategia pseudo-testcross. Dicha población fue genotipada mediante una combinación de 553 marcadores moleculares SRAP (*Sequence-Related Amplified Polymorphism*), AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), SSR (*Simple Sequence Repeats*) y SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*). El mapa de ligamiento del cardo silvestre (1.465,5 cM) consistió en 241 loci distribuidos en 16 LGs (*Linkage Groups*), mientras que el mapa del alcaucil (910,1 cM) fue construido con 141 loci, distribuidos en 12 LGs. Además, tres características de importancia agronómica (espinosidad en hoja, espinosidad en capítulo y coloración del capítulo), para los cuáles ambos progenitores presentaban características contrastantes, fueron mapeados. Posteriormente, un set de 48 loci co-dominantes fueron utilizados para alinear los distintos LGs con aquellos del mapa consenso de la especie basado en SSR y se posicionaron por primera vez 14 SSR en el mapa de *C. cardunculus*. El desarrollo de mapas de ligamiento representa una importante herramienta para la localización de características de interés agronómico así como para el desarrollo de adecuadas estrategias de mejoramiento asistida por marcadores moleculares.

## POTENCIAL DE *Bidens laevis* L., MACRÓFITA COMÚN DE AMBIENTES LAGUNARES, COMO BIMONITOR DE EFECTOS GENOTÓXICOS DEL INSECTICIDA ENDOSULFÁN

Pérez DJ, ML Menone. Laboratorio de Ecotoxicología, Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMYC)-CONICET-UNMdP. e-mail: deborajperez@yahoo.com.ar

En bioensayos estandarizados de genotoxicidad se utilizan plantas terrestres, sin embargo, para evaluar la contaminación dulceacuícola cercana a regiones agrícolas, se recomienda el empleo de especies que habiten de forma permanente en zonas afectadas. El objetivo general fue determinar la factibilidad de utilizar la macrófita palustre *Bidens laevis* como biomonitor y, asimismo si los biomarcadores citogenéticos (micronúcleos, MN; aberraciones cromosómicas en anafase-telofase, ACAT) y molecular (fragmentación de ADN) se diferencian en su sensibilidad para la detección de contaminación por el insecticida endosulfán. Se demostró la genotoxicidad del endosulfán en distintos estadios de desarrollo de *B. laevis*, utilizando concentraciones ambientales del principio activo (PA) y un formulado comercial (FC). Se determinó que el estadio de plántula fue el más sensible para detectar genotoxicidad del PA a través del uso de ACAT. La fragmentación del ADN (ensayo “cometa”), no resultó ser un biomarcador apropiado para detectar genotoxicidad del PA, ya que se estableció que el mecanismo de acción es la aneunogénesis, observándose para el FC además, C-mitosis y núcleos condensados. La comparación de ACAT entre el PA y el FC, demostró que este biomarcador presentó una frecuencia menor en plántulas expuestas al FC. No se logró analizar la genotoxicidad en células germinales, sin embargo se determinó que las concentraciones de PA en botones florales fueron del orden de las ppb. Se realizó un biomonitoreo *in situ* de plántulas en distintas fechas de muestreo, encontrándose frecuencias de ACAT similares indicando la necesidad de realizar un estudio de campo más exhaustivo.



CA

COMUNICACIONES LIBRES

# CITOGENÉTICA ANIMAL



## CITOGÉNÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR EN ESPECIES DE LA FAMILIA TYRANNIDAE (AVES, PASSERIFORMES)

Kretschmer R<sup>1</sup>, EH Correa de Oliveira<sup>2,3</sup>, I de Oliveira Furo<sup>3</sup>, A del Valle Garnero<sup>1</sup>, RJ Gunski<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Pos-graduación en Ciencias Biológicas, PPGCB, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Río Grande do Sul, RS, Brasil. <sup>2</sup>Laboratorio de Cultura de Tejidos y Citogenética, SAMAM, Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, PA, Brasil. <sup>3</sup>Programa de Pos-graduación de Genética y Biología Molecular, Universidade Federal do Pará, Belém, PA, Brasil.  
e-mail: ricardogunski@unipampa.edu.br

En la Clase Aves la Familia Tyrannidae es una de las más diversificadas y abundante en número de especies, sin embargo, pocos estudios citogenéticos han sido realizados en este grupo y en todos los casos se utilizó coloración cromosómica convencional. En este trabajo se analizaron tres especies de tiránidos: *Elaenia spectabilis*, *Tolmomyias flaviventris* y *Corythopsis delalandi* a través de coloración convencional. *E. spectabilis* y *T. flaviventris* también fueron analizadas por medio de pintura cromosómica con sondas derivadas de *Gallus gallus* (GGA) y *Leucopternis albicollis* (LAL). *E. spectabilis* fue estudiada además a través de banda C, G, Ag-NORs y 18S rDNA. Esta especie presentó un cariotipo aparentemente típico para la clase Aves con  $2n=80$  cromosomas, muchos pares de microcromosomas y pocos pares de macrocromosomas. Para *T. flaviventris* y *C. delalandi* se observó un número diploide sorprendentemente bajo de aproximadamente 60 cromosomas. Se identificó la fisión del cromosoma 1 ancestral (GGA1) y una compleja reorganización cromosómica que incluye inversiones en el cromosoma GGA1q en *E. spectabilis* y *T. flaviventris*, en esta especie, también se observó una fusión cromosómica que sugieren que estos eventos deben ser los principales mecanismos de reducción del número cromosómico, que puede extenderse para *C. delalandi* ya que ambas especies poseen cariotipos similares. Los resultados obtenidos contribuyen al estudio de la evolución cariotípica de la Familia Tyrannidae y del Orden Passeriformes.

## EVOLUCIÓN DEL CROMOSOMA 1 ANCESTRAL EN AVES (DATOS PRELIMINARES)

De Oliveira TD<sup>1</sup>, R Kretschmer<sup>2</sup>, MS Dos Santos<sup>3</sup>, ADV Garnero<sup>2</sup>, RJ Gunski<sup>2</sup>, EHC De Oliveira. <sup>1</sup>Graduación en Biotecnología, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Río Grande do Sul, RS, Brasil. <sup>2</sup>Programa de Pos-graduación en Ciencias Biológicas, PPGCB, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Río Grande do Sul, RS, Brasil. <sup>3</sup>Programa de Pos-graduación de Genética y Biología Molecular, Universidade Federal do Pará, Belém, PA, Brasil. <sup>4</sup>Laboratorio de Cultura de Tejidos y Citogenética, SAMAM, Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, PA, Brasil.  
e-mail: thaysbiotec@gmail.com

Experimentos de hibridización *in situ* fluorescente demostraron la conservación del cromosoma 1 ancestral en aves de diferentes Ordenes. Esos resultados fueron obtenidos con la utilización de sondas cromosómicas de *Gallus gallus*, que presentan reducida eficiencia para detectar rearrreglos intracromosómicos. El objetivo de este trabajo fue analizar la evolución del cromosoma 1 ancestral, a través de sondas cromosómicas de *Leucopternis albicollis*, especie en la que este cromosoma está fisiónado en cinco cromosomas, permitiendo la identificación de re-arreglos intra e intercromosómicos. Los análisis fueron realizados en dos especies de Passeriformes (*Turdus rufiventris* y *T. albicollis*) y una especie de Columbiformes (*Zenaida auriculata*). Los resultados fueron comparados con *G. gallus* (modelo ancestral de las aves). Las preparaciones cromosómicas fueron obtenidas por cultivo de médula ósea en *Z. auriculata* y cultivo de fibroblastos en *T. rufiventris* y *T. albicollis*. La pintura cromosómica permitió identificar una compleja reorganización cromosómica que incluye tres inversiones en las especies de zorzales y una inversión en la torcaza. Todas las inversiones corresponden al cromosoma 1q ancestral. Los resultados obtenidos demuestran la importancia de la utilización de otras herramientas en el estudio de la evolución cromosómica en aves, como las sondas de *L. albicollis*, que revelaron rearrreglos intracromosómicos en el cromosoma 1 ancestral en especies filogenéticamente distantes, lo que nos lleva a sugerir que esos rearrreglos ocurrieron en una ramificación antigua de las aves.

### MAPA DE LA RECOMBINACIÓN EN LA CODORNIZ HEMBRA BASADO EN LA LOCALIZACIÓN DE LA PROTEÍNA MLH1

del Priore L', MI Pigozzi'. 'Instituto de Investigaciones Biomédicas (INBIOMED), CONICET-Universidad de Buenos Aires.  
e-mail: mpigozzi@fmed.uba.ar

Los mapas de ligamiento revelan el orden de los marcadores basándose en la frecuencia de recombinación entre los mismos durante la meiosis. Puesto que la tasa de recombinación varía a lo largo de los cromosomas, resulta difícil relacionar los mapas de ligamiento con la estructura física de los cromosomas. En este trabajo mostramos una manera de relacionar el mapa de ligamiento genético con las posiciones correspondientes sobre los cromosomas meióticos. Para ello realizamos un mapa de la recombinación de la codorniz (*Coturnix japonica*) basado en la inmunodetección de la proteína MLH1 que marca los sitios de *crossing over* durante el paquitene. A partir del análisis de los focos de MLH1 en 150 meiosis encontramos que el mapa de recombinación del genoma de la codorniz hembra es de 2652 cM. A partir de la frecuencia de recombinación a lo largo de los bivalentes 1 al 6, se calculó la distribución acumulativa en cM para cada bivalente. Estos mapas de MLH1-cM vinculan la cantidad de recombinación con la posición citológica a lo largo de los cromosomas en paquitene. Dado que los mapas de ligamiento basados en marcadores moleculares dan la cantidad de recombinación relativa entre genes u otros marcadores, sería posible combinar esta información con los mapas de MLH1-cM para relacionar directamente los marcadores mapeados genéticamente con su posición citológica sobre los cromosomas meióticos.

### DIFERENTES TASAS DE CROSSING OVER EN DOS AVES CON AMPLIA SIMILITUD CARIOTÍPICA Y GENÓMICA

del Priore L', MI Pigozzi'. 'Instituto de Investigaciones Biomédicas (INBIOMED), CONICET-Universidad de Buenos Aires.  
e-mail: luciadelpriore24@gmail.com

La recombinación asegura el alineamiento y la disyunción correcta de los cromosomas durante la meiosis, determina el efecto de la selección sobre polimorfismos cercanos y, a nivel experimental, fija la resolución de los experimentos de mapeo genético. Una práctica común en genómica comparativa es utilizar la tasa de recombinación promedio de una especie con amplia cobertura de análisis para estimar las distancias genéticas entre marcadores ortólogos en especies relacionadas que aún no cuentan con un mapa genético. Entre las aves, el mapa genético más completo es el del pollo, por lo cual es común que se emplee el valor promedio de *crossing over* (en cM/Mb) de esta especie para determinar distancias genéticas en otras especies de Galliformes de interés productivo, o incluso en especies más distantes evolutivamente. Con el fin de determinar si las tasas de recombinación del pollo constituyen un parámetro válido trasladable a estudios de ligamiento en otras especies de aves, comparamos el número y la distribución del marcador de *crossing over* MLH1 en dos especies de Galliformes de la Familia Phasianidae: el pollo (*Gallus domesticus*) y la codorniz (*Coturnix japonica*). Encontramos que, a pesar de su divergencia reciente, existen diferencias significativas a nivel de las tasas de *crossing over* en los macrocromosomas entre ambas especies. Estos datos sugieren que la tasa de recombinación de *Gallus domesticus* no representa el mejor parámetro para predecir distancias genéticas en otras especies de Galliformes, aún en aquellas estrechamente relacionadas.

## ESTUDIO DE LA VARIACIÓN CROMOSÓMICA EN POBLACIONES PARAGUAYAS DE *Dichroplus fuscus* (THUNBERG, 1815)

Taffarel A<sup>1</sup>, YC Díaz<sup>1</sup>, FN Acuña<sup>1</sup>, ER Castillo<sup>1</sup>, DA Martí<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva. Instituto de Biología Subtropical CONICET-UNaM. e-mail: radova@gmail.com

Desde que Sutton y Boveri propusieron que los cromosomas debían ser portadores del material hereditario, los científicos dan al número cromosómico y su estructura un significado destacado en el mantenimiento de la integridad y función del genomio. Las fusiones Robertsonianas alteran esa estructura reordenando los grupos de ligamiento en un organismo. En Orthoptera, son frecuentes las fusiones céntricas entre cromosomas acrocentrícos, originando metacéntricos Robertsonianos. En algunas especies la frecuencia de estos reordenamientos es alta, como sucede en *Dichroplus fuscus*, ampliamente distribuida en Sudamérica y polimórfica para fusiones Rb entre los cromosomas 1/3 y 2/4. Estas observaciones se describieron para las poblaciones marginales distribuidas en el norte de Argentina, variando su  $2n$  entre 19/20 y 23/24 ( $\sigma/\varphi$ ), siendo este último el complemento estándar de la especie. Así, el objetivo de este trabajo es aportar nuevos datos sobre la citogeografía de *D. fuscus*. Con este fin, analizamos mediante diferentes técnicas citogenéticas 84 individuos provenientes de 5 poblaciones de Paraguay. Identificamos 5 cariotipos diferentes, dependiendo del estado polimórfico de las fusiones 1/3 y 2/4. En todas las poblaciones analizadas, los valores de fusiones por individuo fueron significativamente altos, alcanzando el máximo valor ( $f_{pi}=4$ ) aquellas de la localidad de Trinidad. En base a estos resultados, y los ya existentes para la provincia de Misiones, discutimos las principales causas que se encontrarían moldeando la estructura citogenética de las poblaciones de *D. fuscus*.

## MEIOSIS, ADN RIBOSOMAL Y REPETICIONES TELOMÉRICAS TTAGG EN *Zabius fuscus* (SCORPIONES; BUTHIDAE)

Adilardi RS<sup>1</sup>, AA Ojanguren Affilastro<sup>2</sup>, CI Mattoni<sup>3</sup>, LM Mola<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA-IEGEB (CONICET-UBA). <sup>2</sup>División de Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" - CONICET. <sup>3</sup>Laboratorio de Biología Reproductiva y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. e-mail: rsadilardi@yahoo.com.ar

El género *Zabius* es el de distribución más austral de la Familia Buthidae, llegando hasta el norte de la Patagonia. Posee tres especies: *Zabius fuscus* y *Zabius birabeni* de la Argentina y *Zabius gaucho*, del sur de Brasil. *Zabius fuscus* habita en áreas rocosas de los sistemas serranos del centro del país. Estudiamos machos, hembras y embriones de *Z. fuscus* de distintas localidades de Córdoba. Analizamos el cariotipo y el desarrollo meiótico mediante tinción con Giemsa, bandeó C, Ag-NOR y FISH con sondas de ADN ribosomal 28S y de repeticiones teloméricas (TTAGG)<sub>n</sub>. Todos los individuos presentaron  $2n=18$  cromosomas holocéntricos. Seis machos mostraron 9 bivalentes aquíasmáticos en meiosis I, mientras que un macho mostró 7 bivalentes y un cuadrivalente. Todas las células en metafase II presentaron 9 cromosomas. La tinción con plata y FISH con ADNr revelaron la existencia de 2 NORs en la región terminal del par mayor. El bandeó C reveló bloques de heterocromatina constitutiva en una de las regiones terminales de 3 pares cromosómicos. Los bloques del par mayor coinciden con la ubicación de las NORs. Las señales teloméricas se localizaron en todas las regiones cromosómicas terminales, no se encontraron señales intersticiales y en leptoteno se hallaron agrupadas en una configuración de *bouquet*. *Zabius fuscus* es la primera especie del género analizada citogenéticamente y comparte con otras especies de Buthidae la presencia de heterocigosis para translocaciones recíprocas. Este estudio es el segundo registro de repeticiones (TTAGG)<sub>n</sub> en escorpiones y el primero en la Familia Buthidae.

## CONTRIBUCIÓN CITOGENÉTICA AL CONOCIMIENTO DE *Lucilia cluvia* WALKER (DIPTERA: CALLIPHORIDAE)

Chirino MG<sup>1,2</sup>, ND Centeno<sup>2</sup>, MJ Bressa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), Departamento de Ecología, Genética y Evolución (EGE), FCEyN-UBA. <sup>2</sup>Laboratorio de Entomología Aplicada y Forense (LEAF), Departamento de Ciencia y Tecnología (CyT), UNQ.

e-mail: mchirino@ege.fcen.uba.ar

La Familia Calliphoridae, que incluye especies de interés forense y sanitario, presenta escasos antecedentes citogenéticos referidos principalmente a la determinación cariotípica. Las especies estudiadas presentan un complemento cromosómico diploide  $2n=12$  y un sistema simple de cromosomas sexuales XX/XY (hembra/macho). Dado que los caracteres cromosómicos son morfológicos, discretos y fáciles de reconocer, los estudios citogenéticos permiten discriminar entre especies relacionadas, sean crípticas o morfológicamente similares. En este trabajo se describe el cariotipo mitótico y se caracteriza el contenido y localización de la heterocromatina constitutiva de *Lucilia cluvia* a partir de preparaciones cromosómicas de ganglio cefálico de larvas de tercer estadio mediante tinción convencional y bandas C. El complemento diploide ( $2n=12$ ) consiste en 6 pares de cromosomas y los autosomas presentan apareamiento somático. Se distinguen 2 pares autosómicos mayores, 1 con una constricción secundaria, 2 pares submetacéntricos con diferente relación brazo p/q y 1 metacéntrico menor; siendo el par sexual el más pequeño del complemento. Todos los cromosomas presentan escasa heterocromatina C+ en posición pericentromérica. Si bien todas las especies tienen el mismo número cromosómico, existen marcadas diferencias en sus cromosomas sexuales. *Lucilia cluvia* presenta cromosomas sexuales principalmente eucromáticos que son 3 a 4 veces más pequeños que los autosomas y las demás especies co-genéricas poseen cromosomas sexuales mayormente heterocromáticos de igual tamaño o más grandes que los autosomas.

## ABERRACIONES EN EL COMPORTAMIENTO CITOGENÉTICO DE *Doru lineare*

Andrada AR<sup>1</sup>, GM Silenzi Usandivaras<sup>1</sup>, M Romero Sueldo<sup>1</sup>, G Ruiz de Bigliardo<sup>1,2</sup>, M Dode<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Fundación Miguel Lillo. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales e IML.

e-mail: gabrielasilenzi@hotmail.com

Dermaptera representa a insectos con distribución cosmopolita y hábitos omnívoros, donde algunos individuos son fitófagos y otros controladores de plagas en los agrosistemas regionales. Este Orden incluye al género *Doru* (Escholtz), representado en la provincia de Tucumán (Argentina) por dos especies: *D. lineare* y *D. luteipes*. En el presente estudio se analizaron mitosis y la meiosis de machos adultos de una población de *D. lineare* alojada en cultivos de maíz de El Cadillal (Dpto. de Tafí Viejo, Tucumán). Las preparaciones microscópicas se obtuvieron mediante el siguiente protocolo: fijación con Farmer, hidrólisis ácida (en HCl 1N) y tinción con hematoxilina propiónica 2% y DAPI. Las células somáticas revelaron el complemento cromosómico  $2n=20$  y un par de cromosomas autosómicos con satélites. En meiosis, los bivalentes en diacinesis presentaron asociaciones secundarias teloméricas e intersticiales. Las divisiones I y II exhibieron diversas irregularidades. Las alteraciones se acentuaron en células somáticas. Un individuo presentó un alto grado de mosaicismo de células normales y anómalas. Fueron evidentes los polimorfismos citogenéticos y la alta frecuencia de núcleos con serias deficiencias cualitativas y cuantitativas del complemento cromosómico. Las consecuencias de los daños citológicos se confirman por la observación de núcleos apoptóticos o con severas necrosis. El desequilibrio genómico detectado puede haberse producido por factores ambientales desconocidos o fallas intrínsecas de los mecanismos de regulación que obran durante la división celular.



CH

COMUNICACIONES LIBRES

# CITOGENÉTICA HUMANA



## INVERSIONES CROMOSÓMICAS POCO FRECUENTES ASOCIADAS A FENOTIPOS NORMALES Y PATOLÓGICOS

Martínez-Taibo CC<sup>1,2</sup>, NN Tolaba<sup>1</sup>, S Dávila<sup>1</sup>, OA Laudicina<sup>3</sup>, MP Vilte<sup>1</sup>, SG de la Fuente<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Genética Médica, Hospital Dr. Arturo Oñativia, Salta. <sup>2</sup>Laboratorio de Genética, SARESA Centro de Salud Reproductiva Salta, Salta. <sup>3</sup>Lexel SRL, División In Vitro, Buenos Aires. e-mail: cmartineztaibo@yahoo.com.ar

Las inversiones son reordenamientos intracromosómicos originados por dos rupturas en un cromosoma seguidas de la re inserción del fragmento rotado en 180°. La incidencia es 0,09 a 0,49/1,000. Es un rearrreglo estructural aparentemente equilibrado, por lo que la mayoría dan fenotipos normales y una minoría patológicos (por interrupción de genes o variación en la actividad de éstos por efectos de cambio en la posición). Presentamos tres casos donde: a) por Bando G se detecta una inversión balanceada, b) por FISH con sonda de pintado cromosómico total (*Live*) se confirma que el material de cada cromosoma invertido corresponde únicamente al mismo. Caso 1: Inversión Paracéntrica Familiar del cromosoma 13 asociada a RM y Dismorfia. El exhaustivo análisis del árbol genealógico y el estudio cromosómico al mayor número posible de individuos permitió confirmar la asociación inversión/fenotipo patológico en este grupo familiar. 13 de 17 miembros son portadores. 46, XX, inv (13) (q31q32).ish inv (13) (q31q32) (wcp13+). Caso 2: Inversión Paracéntrica del cromosoma 6 de Novo en recién nacido con RMG Y RCIV. En este caso no es posible adjudicar el fenotipo afectado a la inversión. 46, XY, add (6) (q21). ish inv (6) (q21q27) (wcp6+). Caso 3: Inversión Pericéntrica del cromosoma 12 en Ovodonante. Dicha inversión origina un fenotipo normal, ya que es una paciente sin malformaciones y con CI normal. 46, XY, inv (12) (p12q14). ish inv (12) (p12q14) (wcp12+). Se ejemplifican los tres posibles fenotipos de una inversión: patológico, dudoso y normal. Es el primer reporte de una inversión (13) que confiere fenotipo patológico.

## TRISOMÍA 18 CON ANENCEFALIA EN DIAGNÓSTICO PRENATAL

Marsa S<sup>1</sup>, MC Della Vedova<sup>3</sup>, M Olivera<sup>2</sup>, S Siewert<sup>2</sup>. <sup>1</sup>GENES. <sup>2</sup>Universidad Nacional de San Luis (UNSL). <sup>3</sup>SIGNA. e-mail: smarsa@gmail.com

La anencefalia es una malformación del sistema nervioso central, con incidencia de 1/1000 nacidos vivos. Generalmente son malformaciones aisladas y muestran herencia multifactorial, existiendo un pequeño porcentaje que forma parte de un síndrome cromosómico, como trisomía 13, 18 y 20, deleción 13q, 21q al 24q, monosomía X y duplicación 21q. El caso que estudiamos era una paciente de 33 años de edad, cursaba un embarazo de 15 semanas de gestación. Durante los controles ecográficos se encuentra una Anencefalia, a raíz de este hallazgo se realiza cariotipo al feto a partir de líquido amniótico utilizando cultivo de células con Amnio Max Medium y da como resultado 47, XY, +18. En la misma muestra de líquido amniótico se dosa alfa-feto proteínas: 704800,0 UI/ml, resultado confirmado por dilución (mediana por semana: 15 semana: 15900,0 UI/ml). Llama la atención la presencia concomitante de ambas patologías, por lo que se realizó una búsqueda bibliográfica y encontramos que la incidencia de anencefalia causada por trisomía 18 es de 0,66-5,56%, con una incidencia similar (2%). En un estudio realizado entre 1963 y 1986, en una población de 85 pacientes con trisomía 18, se observó 7% de incidencia de defectos del cierre del tubo neural. Se concluye que ante un hallazgo de anencefalia por ecografía está indicada la realización del cariotipo fetal debido a la asociación descripta. El cariotipo aportará mayor información para la realización de un correcto asesoramiento genético.

### REPLICACIÓN ASINCRÓNICA DEL GEN TP53 EN MIELOMA MÚLTIPLE. ASOCIACIÓN CON TAMAÑO TUMORAL Y DAÑO RENAL

Stella F<sup>1,2</sup>, E Pedrazzini<sup>1,3</sup>, E Baialardo<sup>4</sup>, A Rodríguez<sup>5</sup>, M González<sup>5</sup>, I Slavutsky<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Lab. Genética de Neoplasias Linfoides, Inst. Medicina Experimental, CONICET-Academia Nacional de Medicina. <sup>2</sup>Fac. Cs. Exactas, Químicas y Naturales, Universidad de Morón. <sup>3</sup>Escuela Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales, UNNOBA. <sup>4</sup>Centro de Estudios Genéticos, Buenos Aires. <sup>5</sup>Departamento de Onco-Hematología, Instituto de Investigaciones Hematológicas, Academia Nacional de Medicina.

e-mail: estelapq@yahoo.com.ar

El desarrollo neoplásico puede estar acompañado por cambios en el orden temporal de replicación génica, originando asincronía de replicación (AR). En este trabajo se evaluó la AR del gen *TP53* mediante FISH en médula ósea de 21 casos con mieloma múltiple (MM) (12 mujeres, edad media 65,4 años) y 4 con gammapatía monoclonal de significado incierto MGUS (3 mujeres, edad media 73,7 años). Se efectuó cultivo directo y de 72 hs sin estimular; se empleó técnica de bandeado G y FISH con sonda específica. Todos los casos mostraron cariotipo normal. En MM, los pacientes con delección de *TP53* mostraron un mayor porcentaje de células con AR ( $32,1 \pm 1,1$ ) respecto de aquellos sin delección ( $23,2 \pm 1,5$ ) ( $p=0,0012$ ) y de los casos con MGUS ( $21,1 \pm 2,8$ ) ( $p=0,005$ ); no se observaron diferencias entre los MGUS y los MM con un patrón normal de señales para *TP53* ( $p=0,73$ ). Tomando como punto de corte para células asincrónicas la media de los MGUS +3ES (29,5%), los pacientes con MM fueron clasificados como positivos (8 casos) y negativos (13 casos) para AR. La comparación con parámetros clínicos mostró menor edad, estadios Durie y Salmon (DS) avanzados, mayores valores de calcemia,  $\beta 2$ microglobulina ( $p=0,024$ ), porcentaje de infiltración en médula ósea ( $p=0,013$ ) y menores niveles de hemoglobina en los casos positivos respecto de los negativos. Asimismo, los casos asincrónicos presentaron mayor porcentaje de estadios DSB ( $p=0,04$ ), creatinina ( $p=0,008$ ) y una tendencia a mayor falla renal ( $p=0,067$ ). Estos resultados reflejan una asociación de la delección de *TP53* con la AR del gen en las células disómicas y se vincula con un mayor tamaño tumoral y daño renal.

### INMUNODEFICIENCIA, INESTABILIDAD CENTROMÉRICA Y ANOMALÍAS FACIALES (ICF): UN CASO CON MACROSOMÍA

Baialardo E<sup>1</sup>, A Moresco<sup>1</sup>, L Sposito<sup>2</sup>, M Oleastro<sup>2</sup>, M Gallego<sup>1</sup>, MG Obregon<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Servicio de Genética. <sup>2</sup>Servicio de Inmunología, Hospital de Pediatría Prof. Dr. Juan P. Garrahan SAMIC, Buenos Aires, Argentina. e-mail: baiaed@yahoo.com.ar

El ICF es una enfermedad rara, autosómica recesiva, que se caracteriza por compromiso de la inmunidad mediada por anticuerpos (hipogamaglobulinemia con linfocitos B circulantes en número normal o disminuidos), dismorfias, retraso madurativo y del crecimiento. Su rasgo distintivo es la presencia de rearrreglos cromosómicos característicos en el análisis citogenético, relacionado con un defecto en la metilación genómica que afecta a las regiones heterocromáticas pericentroméricas de los cromosomas 1, 9 y 16. La mayoría de los pacientes descriptos presentan mutaciones en el gen *DNMT3B* y menos frecuente en *ZBTB24*. Presentamos una niña de 4 años, cuarta hija de una pareja no consanguínea, que a los 5 meses desarrolla una meningoencefalitis por *Pseudomonas aeruginosa*. Se constató antecedente de retraso madurativo, macrosomía, dismorfias, panhipogamaglobulinemia, con valores normales de linfocitos B circulantes. El estudio cromosómico con bandeado G en linfocitos de sangre periférica evidenció en 120 de las 200 metafases estudiadas, deleciones en el cromosoma 1 involucrando la región pericentromérica, figuras multirradiales, descondensaciones de los bloques heterocromáticos de los cromosomas 1 y 16 en su gran mayoría y del cromosoma 9 ocasionalmente. En la literatura se describen aproximadamente 50 pacientes con esta enfermedad, casi todos con retraso de crecimiento pondoestatural y evolución heterogénea. Destacamos en nuestro paciente el hallazgo inusual de macrosomía ampliando así la variabilidad fenotípica de esta rara entidad.

## TRISOMÍA PARCIAL 16Q22 EN RECIÉN NACIDA CON DISMORFIAS Y ANOMALÍAS GENITALES

Casali B<sup>1</sup>, R Armando<sup>2</sup>, A Boywitt<sup>1</sup>, P García Estranga<sup>3</sup>, MC Fernández<sup>2</sup>, R De Bellis<sup>1</sup>, MF Villegas<sup>2</sup>, C Arberas<sup>2</sup>, G del Rey<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética. Centro de Investigaciones Endocrinológicas-CEDIE "Dr. César Bergadá"- CONICET-FEI. División de Endocrinología Hospital de Niños "Ricardo Gutiérrez". <sup>2</sup>Sección de Genética, Hospital de Niños "Ricardo Gutiérrez". <sup>3</sup>Laboratorio de Citogenética, Hospital General de Agudos "Juan A. Fernández".  
e-mail: bcasali@cedie.org.ar

La trisomía parcial 16q es una anomalía poco frecuente asociada a un amplio espectro de características clínicas: bajo peso, dishabilidad intelectual, dismorfias faciales, defectos cardíacos, anomalías genitourinarias y sobrevivida postnatal limitada. La monosomía parcial 11q denominada Sd. de Jacobsen, es un síndrome de genes contiguos que se presenta con una frecuencia de 1/100.000 nacidos. Clínicamente se caracteriza por: Sd. Paris-Trousseau, dismorfias faciales, cardiopatía congénita y baja talla. El objetivo es describir los hallazgos clínicos de una niña RN con trisomía parcial 16q22 y monosomía 11q25 por t (11; 16) (q25; q22) paterna. Padres de origen chino no consanguíneos. Embarazo controlado. Ecografía 3er trimestre: RCIU, riñones pequeños, genitales ambiguos, oligoamnios. RNT (37s), PAEG (2.400g), ARM de inmediato. Hemorragia intraventricular grado I, retinopatía del prematuro moderada. Ductus, FOP, HPP. Frente amplia, bombé, cara chata, hendiduras palpebrales cortas, orejas bajas con hélix plegado y antihélix prominente. Cariotipo: 46, XX, der (11) t (11; 16) (q25; q22) pat. Concluimos que la paciente presenta fenotipo clínico compatible con la trisomía 16q22 coincidiendo con el mapeo fenotípico descripto: anomalías renales con trisomía 16q22 y anomalías vertebrales y genitales con 16q24. Es el primer caso descripto de t (11; 16) (q25; q22) de origen paterno. Dada la presencia de hemorragias y plaquetopenia sugerimos que por un efecto posicional se afectaría el gen FLI1 localizado en 11q24.3.

## HALLAZGO DE UNA TRANSLOCACIÓN T (Y; 1) (Q12; Q12)

Brizuela Sánchez MB<sup>1</sup>, A Rolón<sup>1,2</sup>, J Doldan<sup>2</sup>, S Bageston<sup>2</sup>, A Laudicina<sup>3</sup>, H Bernard<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética y Genética Humana (LACyGH)- convenio UNaM-IPSM. <sup>2</sup>Laboratorio de Genética. Centro de Estudios Bioquímicos de Alta Complejidad (CEBAC). <sup>3</sup>LEXEL-In Vitro experience (LiVe). <sup>4</sup>Hospital Escuela de Agudos "Dr. Ramon Madariaga".  
e-mail: belen\_brizuela15@hotmail.com

La translocación (Y; 1) (q12; q12) es una alteración cromosómica rara observada en enfermedades hematológicas. La mayor parte del brazo q del cromosoma Y se transloca al brazo q de un cromosoma 1 adicional, resultando una trisomía parcial de la región 1q21-qter. Reportada solamente en 10 casos hasta la fecha, 8 de síndrome mielodisplásico, 1 de policitemia vera y 1 de mielofibrosis, sugiriendo su origen en una célula madre pluripotente o una célula progenitora mieloide. Reportamos aquí un nuevo caso, detectado en un paciente con un desorden mieloproliferativo crónico (CMPD). Se realizaron cultivos de médula ósea (MO), directo y de 24 horas, incubados con colcemid, procesados según protocolos descriptos por Czepulkowski con modificaciones. Se analizaron metafases con Bando GTG, BSG y FISH. Se realizó el conteo y análisis de los cromosomas, de al menos 20 metafases, estableciendo el cariotipo del paciente según normas del *International Standing Committee on Human Cytogenetic Nomenclature*. Resultados: Hombre de 70 años derivado por trombocitosis. Nivel de hemoglobina (Hb): 7,6; Hematocrito (Hto): 28%; GB: 20.520mm; Plaquetas: 2.499.000mm; neutrófilos cayado: 61. Con hepatoesplenomegalia. El análisis citogenético de la MO detectó un clon anormal en todas las metafases analizadas, el cual fue interpretado como 46, X, der (Y) t (Y; 1) (q12; q12). Describimos un caso con t (Y; 1) (q12; q12) como única anomalía cromosómica. Nuestros resultados y los casos reportados en la literatura, sugieren que es una anomalía no aleatoria rara, asociada a SMD y CMPD.

## TRANSLOCACIÓN 3; 3 (Q21; Q26) EN LEUCEMIA AGUDA. REPORTE DE UN CASO

Fernández S<sup>1</sup>, S Rodríguez<sup>1</sup>, E Torres<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud. Universidad Nacional de Asunción. Asunción-Paraguay.

e-mail: silvifernandezm@hotmail.com

Las anomalías cromosómicas que involucran al brazo largo del cromosoma 3 en las regiones q21 y q26, tienen una frecuencia de 1 a 2,5% de los pacientes con leucemia mieloide aguda (LMA), en todos los subtipos clasificados por la Franco-Anglo-Estadounidense (FAB), menos en Leucemia Promielocítica Aguda (LPA-M3); también se han reportado en casos de Síndromes mielodisplásicos (SMD), en crisis blásticas y en Leucemias Mieloides Crónicas (LMC). Por técnicas de citogenética convencional se pueden detectar la traslocación (3; 3) e inversión del cromosoma 3 (inv3). Los genes implicados son el gen de la Ribophorin1 (RPN1) localizado en la banda 3q21 y el gen del sitio de integración del virus ecotrópico1 (EVI1), localizado en la banda 3q26.2. Se presenta el caso de un paciente de sexo masculino, de 25 años de edad, proveniente del Hospital de Clínicas de Asunción-Paraguay, con diagnóstico presuntivo clínico de Leucemia Aguda. Para el estudio citogenético se cultivaron células de médula ósea en cultivos especiales, para la obtención del cariotipo se analizaron 20 metafases. El cariotipo reveló el siguiente resultado: 47, XY, t (3; 3) (q21; q26), + mar [14]/46, XY [6]; resultó en un cariotipo complejo. Considerando que este tipo de Leucemia es muy poco frecuente y se ha informado que es de mal pronóstico y con mínima respuesta a quimioterapia, es importante realizar un diagnóstico rápido y preciso, para que el paciente reciba el tratamiento adecuado. Mediante las técnicas de citogenética, observando anomalías cromosómicas, es posible identificar el tipo de Leucemia que presenta el paciente.

## HALLAZGO CITOGÉNÉTICO Y MOLECULAR EN PACIENTE AZOOSPÉRMIICO

Poli MN<sup>1</sup>, E Gil<sup>1</sup>, L López Miranda<sup>1</sup>, L Francesena<sup>1</sup>, G Zanier<sup>1</sup>, J Zanier.  
<sup>1</sup>Asociación de Genética Humana (AGHU), Mar del Plata.

e-mail: bio@aghu.org

La infertilidad es uno de los trastornos de salud que afecta entre el 10% al 15% de las parejas en edad reproductiva y un 15% de los varones lo son por causa genética. El paciente de 40 años concurre a la consulta por infertilidad, presentando azoospermia severa y varicocele. Se realizó cariotipo y FISH con sonda centromérica para los cromosomas X (DXZ1) e Y (DYZ3). Se estudiaron las microdeleciones del cromosoma Y mediante PCR multiplex usando 17 STSs, SRY y ZFX/ZFY como control y AZFa-dist1 y AZFaprox2. Se obtuvieron los siguientes resultados: cariotipo: mos45,X[10]/46, XYqh-[90]. FISH: nuc.ish cenX(DXZ1x1)[32]/cenX(DXZ1x1);cenY(DYZ3x2)[28]/cenX(DXZ1x1);cenY(DYZ3x1)[140]. Microdelección en las regiones AZFb, AZFc y AZFd, algunas de ellas discontinuas, con ausencia de sY121, sY127, sY130, sY134, sY145, sY152, sY157, sY254, sY277, sY283, sY1191 y sY1291. El trastorno genético responsable de la infertilidad toma relevancia en el asesoramiento genético de los varones. El estudio de las microdeleciones AZF no solo es importante como explicación de la anomalía del espermograma sino también como un marcador predictor de recuperación de espermatozoides intratesticulares en pacientes azoospermicos no obstructivos. Resaltamos la importancia de complementación de técnicas en la comprensión de la infertilidad y su posible tratamiento. En este estudio el paciente accedió a la biopsia testicular con el propósito de recuperar espermatozoides y efectuar un procedimiento de ICSI (Inyección intracitoplasmática de esperma).

## PREVALENCIA DE ANOMALÍAS CROMOSÓMICAS EN PACIENTES REMITIDOS AL LABORATORIO DE GENÉTICA DEL IICS/UNA

Torres E<sup>1</sup>, G Meza<sup>1</sup>, S Rodríguez<sup>1</sup>, N Monjagata<sup>1</sup>, S Fernández<sup>1</sup>, R Samaniego<sup>1</sup>, S Estigarribia<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud –UNA– Paraguay.

e-mail: elodialvarenga@gmail.com

El propósito del trabajo fue analizar los resultados citogenéticos y relacionar con el diagnóstico clínico de referencia, a través de un estudio observacional, descriptivo y retrospectivo de corte transversal. El análisis citogenético se realizó en linfocitos de sangre periférica y para correlacionar con el diagnóstico clínico, se clasificó en cuatro grupos etarios, neonatos, pediátricos, adolescentes y adultos. De los 1805 pacientes estudiados, se obtuvieron 474 con anomalías cromosómicas numéricas y estructurales, lo que estima una prevalencia de 26%. El 18,3% de los individuos correspondieron a pacientes con Fenotipo/Cariotipo Down; en los neonatos se observaron 0,4% con trisomía 13 y 1,1% con trisomía 18; el Fenotipo/Cariotipo Turner, se observó en el 2,2% de los grupos pediátricos, adolescente y adultos; y el Fenotipo/Cariotipo Klinefelter en los grupos adolescentes y adultos, con una frecuencia de 0,6%. Mosaicismos y anomalías estructurales como deleciones, translocaciones, inversiones, isocromosomas y X frágil, se observaron en pacientes con retardo mental y dismorfias, con una frecuencia de 2,7% y en adultos con una frecuencia de 0,9%, en quienes se destacaron casos de hijos con malformaciones congénitas, hijos portadores de anomalías cromosómicas y/o antecedentes de 2-3 abortos. La frecuencia de variantes cromosómicas fue de 1,1%, como la inversión del cromosoma 9, variaciones en la heterocromatina y en el satélite. La prevalencia obtenida enfatiza la necesidad de realizar el estudio citogenético en pacientes con sospecha de ser portadores de anomalías cromosómicas.

## SÍNDROME DE DELECCIÓN 3P: CORRELACIÓN CLÍNICA Y CITOGÉNÉTICA EN 5 PACIENTES

Boywitt A<sup>1</sup>, MC Fernández<sup>2</sup>, B Casali<sup>1</sup>, R Armando<sup>2</sup>, F Villegas<sup>2</sup>, R De Bellis<sup>1</sup>, R Coco<sup>3</sup>, ME Ducatelli<sup>3</sup>, C Arberas<sup>2</sup>, G del Rey<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética, División Endocrinología, CEDIE-CONICET-FEI. <sup>2</sup>Servicio de Genética Médica. Hospital de Niños "Ricardo Gutiérrez", GCBA. <sup>3</sup>FECUNDITAS, CABA.  
e-mail: boywitta77@yahoo.com.ar

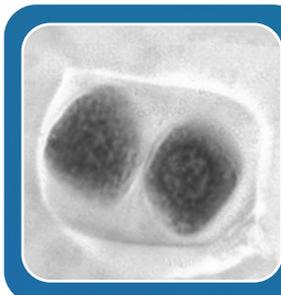
La deleción 3p es un síndrome de genes contiguos cuyo fenotipo y espectro clínico depende del tamaño y localización del segmento comprometido. Reportado en 1978, desde entonces varios casos han sido notificados. Reportamos 5 pacientes, sus hallazgos clínicos y citogenéticos y la edad a la que fueron evaluados. 1= de 9m a 11a, por dismorfias 46, XY, del (3) (p26), 2= de 6m a 2a, por retraso madurativo y microcefalia 46, XX, del (3) (p25.2), 3= de 13m a 4a, por dismorfias 46, XX, del (3) (p25.2), 4= de 2m a 2a, por cardiopatía congénita 46, XX. arr 3p26.1p25.3(7,783,110-9,867,283)x1. 5= de 3m a 14m, por dismorfias 46, XX, del (3) (p25.2). Todos comparten las siguientes dismorfias: ptosis, hipertelorismo, fisuras palpebrales hacia abajo, filtrum largo, micrognatia y baja implantación de orejas. 3/5 fueron pretérmino, 2/5 RCIU, 4/5 reflujo gastroesofágico, 1/5 cardiopatía congénita, 1/5 polidactilia, 2/5 EEG patológico, 2/5 convulsiones febriles, 2/5 disgenesia cuerpo calloso, 3/5 retraso neuromadurativo (2 no evaluables por su edad). La deleción 3p determina características fenotípicas definidas encuadrable en los síndromes de blefarofimosis, ptosis y epicantus inversus (BEPS) con discapacidad intelectual. Generalmente son deleciones terminales "de novo" citogenéticamente visibles aunque deleciones intersticiales pequeñas también expresan el fenotipo, como el caso 4, definiéndose como región crítica 3p25.3. Se evaluó patrón malformativo y evolución clínica en cinco pacientes. Consideramos importante reconocer esta entidad que permite diferenciarla de otras condiciones con diferente patrón de transmisión genética.

## CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y CITOGÉNÉTICA DE UN PACIENTE CON TRISOMÍA PARCIAL 21Q

Lastra A<sup>1</sup>, S Carbognani<sup>2</sup>, L Furforo<sup>3</sup>, L Vago<sup>2</sup>, L Espeche<sup>3</sup>, S Rozental<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio Centro de Especiales Médicas Ambulatorias de Rosario (CEMAR), Dirección de Bioquímica, Secretaría de Salud Pública-Municipalidad de Rosario, Santa Fe, Argentina. <sup>2</sup>Servicio Genética Clínica-CEMAR, Secretaría de Salud Pública-Municipalidad de Rosario Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup>Centro Nacional de Genética Médica "Dr. Eduardo Castilla", ANLIS, Ministerio de Salud de la Nación, Buenos Aires, Argentina. e-mail: agulastra@hotmail.com

Las duplicaciones invertidas de segmentos cromosómicos son anomalías estructurales poco frecuentes que se originan por intercambios en U o por recombinación no homóloga en la gametogénesis. La caracterización de las mismas es compleja y requiere la combinación adecuada de técnicas citogenéticas y moleculares. En el presente trabajo comunicamos el caso de un paciente de 3 años con retraso del lenguaje y estigmas de síndrome de Down. En el estudio citogenético del niño (GTW con nivel de resolución 550 bandas) se detectó material adicional en el brazo largo de un cromosoma 21 y los cariotipos parentales fueron normales. Mediante la técnica de cariotipado espectral (SKY-FISH) se determinó que el material adicional pertenecía al cromosoma 21. La técnica de MLPA en una muestra de ADN del paciente confirmó que la región subtelomérica 21q estaba conservada. Se definió la anomalía como una duplicación invertida del segmento 21q22.1-q22.2. CARIOTIPO: 46, XY, dup (21) (q22.1q22.2).ish dup (21) (WCP21+), rsa (P036) x2, rsa (P070) x2. Este caso aporta una evidencia más para correlación genotipo-fenotipo de la duplicación de la región 21q22.1-q22.2 y para la definición de la región crítica para SD. Por otra parte la aplicación de técnicas como array-CGH nos permitiría definir con mayor precisión los puntos de ruptura en el cromosoma 21.



CV

COMUNICACIONES LIBRES

# CITOGENÉTICA VEGETAL



CV 1

## AVANCES EN EL ESTUDIO DEL ORIGEN DE *Arachis hypogaea* L. MEDIANTE CRUZAMIENTOS INTERESPECÍFICOS

García AV<sup>1,2</sup>, AM Ortiz<sup>1,2</sup>, GI Lavia<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas Naturales y Agrimensura, Corrientes. e-mail: alegarcia\_89@hotmail.com

El cultígeno *A. hypogaea* es un alotetraploide  $2n=4x=40$  (AABB) probablemente originado por hibridación interespecífica entre las especies diploides *A. ipaensis* y *A. duranensis*, y posterior unión de gametos no reducidos generados en el híbrido, fenómeno del cual aún no existen evidencias. El objetivo de este trabajo fue obtener híbridos mediante cruzamientos interespecíficos recíprocos entre *A. ipaensis* y *A. duranensis* a fin de obtener material que permitiera, mediante análisis citogenéticos, testear la hipótesis del origen del cultígeno vía poliploidización sexual. Se realizaron 220 cruzamientos en los periodos noviembre 2012/marzo 2013 y enero 2013/abril 2014; para ello, a fin de evitar la autopolinización, se castraron los botones florales de los progenitores femeninos y a la mañana siguiente se realizó la polinización con el progenitor masculino. En el 69,5% de los cruzamientos se utilizó *A. duranensis* como progenitor femenino, produciéndose clavos en un 51% de los mismos; mientras que, se obtuvo un 23,9% de clavos cuando *A. ipaensis* fue utilizada como madre. En las macetas ocupadas por las plantas madres correspondientes a *A. ipaensis* se detectaron siete plántulas producidas por la germinación de semillas que serían producto de los cruzamientos *A. ipaensis* x *A. duranensis*. Los resultados obtenidos permiten sugerir que: ambas especies son eficientes en la producción de clavos, la producción de clavos de *A. duranensis* es el doble de *A. ipaensis* y, la obtención de plántulas indica que las semillas producidas por *A. ipaensis* no presentan dormancia.

CV 2

## ACTIVIDAD DEL INTRÓN DE COX1 EN HÍBRIDOS SOMÁTICOS DE SOLANACEAS

Abbona CC, MV Sanchez-Puerta. <sup>1</sup>Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), CONICET-UNCuyo. <sup>2</sup>Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM-CONICET). FCA y FCEN, U.N. Cuyo. e-mail: abbonacynthia@gmail.com

La transferencia horizontal de genes (THG) consiste en la transmisión de ADN de un organismo a otro que no forma parte de su descendencia. El caso más sobresaliente de THG entre angiospermas se refiere al intrón del gen mitocondrial *cox1* que ha sido transferido múltiples veces entre plantas. Se postula que este intrón codifica una endonucleasa que facilita su propagación a alelos del gen que carecen del mismo. Conocer la propagación del intrón permite tener una aproximación del intercambio génico que ocurre de manera natural entre distintas especies de plantas. El estudio de la actividad del intrón de *cox1* consistió en la fusión de protoplastos de dos especies de angiospermas, que logra introducir un genoma mitocondrial con el intrón de *cox1* junto a otro genoma mitocondrial carente del mismo. Las fusiones de protoplastos resultaron en híbridos citoplasmáticos, donde los genomas mitocondriales sufrieron delección de secuencias y recombinaciones intergenómicas. Mediante amplificación por PCR y ensayos de Southern Blot se testeó la transferencia del intrón de *cox1* entre los genomas mitocondriales heterólogos. A través de PCR y secuenciación se observó la propagación del intrón, aunque por Southern Blot, el método menos sensible, no se detectó. La actividad del intrón en los distintos callos híbridos analizados fue observada con menor frecuencia a la esperada. Esto pudo deberse a la rápida segregación de los genes parentales en los callos híbridos que solo mantuvieron un alelo del gen *cox1*.

### FLOW CYTOMETRIC ANALYSIS OF DNA PLOIDY LEVEL DURING SOMATIC EMBRYOGENESIS OF *Araucaria angustifolia*

Puttkammer CC<sup>1</sup>, HPF Fraga<sup>1</sup>, LN Vieira<sup>1</sup>, MP Guerra. <sup>1</sup>Plant Developmental Physiology and Genetics Laboratory, Federal University of Santa Catarina.

e-mail: cputtkammer@gmail.com

*Araucaria angustifolia* (Bert) O. Kuntze is an endangered native subtropical conifer with ecologic and economic importance in Brazil. The application of tissue culture tools in this species, such as somatic embryogenesis, is one of the most promising techniques for its conservation and propagation. It has been suggested that embryogenic cultures (EC) subjected to prolonged periods in culture, especially when exposed to 2,4-dichlorophenoxyacetic acid (2,4-D), may present mixoploid cell populations, which may increase the susceptibility to somaclonal variation. In this study we investigated the DNA ploidy levels in the megagametophyte, zygotic embryo (ZE) and the EC after prolonged subculture periods, exposed or not to 2,4-D. The plant material consisted of: a) megagametophyte derived from immature cones; b) early-globular ZE; c) EC after SE induction in the presence and absence of 2,4-D (21 days); c) EC after one year subculture periods in the presence and absence of 2,4-D. As expected, the megagametophyte presented ploidy number  $n$  and the ZE twice the ploidy level ( $2n$ ). EC exposed to 2,4-D, both newly induced and subjected to several subculture cycles, had the same number of ploidy observed in ZE. Likewise, the EC not exposed to 2,4-D also showed the same ploidy level observed in ZE, both newly induced or after prolonged subculture periods. These results indicate that 2,4-D and prolonged periods in culture did not affect the ploidy levels of *A. angustifolia* EC, and also, indicated the maintenance on the ploidy level of EC in multiplication cycles for one year.

### NÚMEROS CROMOSÓMICOS EN POBLACIONES NATURALES DE *Chrysoleaena flexuosa* DEL SUDESTE BONAERENSE

Echeverría ML<sup>1</sup>, MM Echeverría<sup>1</sup>, EL Camadro<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Fac. de Cs. Agrarias, UNMdP. <sup>2</sup>INTA. <sup>3</sup>CONICET.

e-mail: lis\_echeverria@hotmail.com

*Chrysoleaena flexuosa* (Sims) H. Rob. (Vernonieae, Asteraceae), nativa de potencial valor ornamental, se distribuye desde el sur de Brasil hasta el centro de Argentina. De acuerdo a la bibliografía, el número cromosómico básico del género es  $x=10$ . En *C. flexuosa*, para la zona central de la distribución se han informado los números somáticos  $2n=2x=20$  y  $2n=2x=40$ ; para la zona marginal austral, hay un solo registro de Tandil, pcia. de Buenos Aires, de  $n=ca. 30-32$ . No se dispone de información sobre el número de plantas en las que se determinaron las ploidías mencionadas. Asimismo, el nivel de ploidía de las poblaciones del SE bonaerense ha sido escasamente estudiado. Por eso, se realizaron determinaciones del número cromosómico somático en cuatro poblaciones naturales procedentes de sierras del Sistema de Tandilia. En puntas de raíces de 4 o más plantas/población -previamente pretratadas por 3,5 h con 8-hidroxiquinoleína 0,002M, fijadas con alcohol absoluto y ácido acético glacial (v/v 3:1), hidrolizadas en HCl 1N a 62° C durante 12 min y coloreadas mediante la técnica de Feulgen- se encontró que los individuos analizados eran hexaploides ( $2n=6x=60$ ). Debido a la semejanza morfológica de algunas especies de *Chrysoleaena*, se considera que un estudio de citogeografía que abarque el norte y centro de la Argentina empleando un número representativo de individuos por población, sumado al análisis de tamaño y viabilidad de los granos de polen, contribuiría a la dilucidación del origen de los poliploides del género.

## VARIACIÓN CARIOTÍPICA EN *Calceolaria polyrhiza* CAV. SEGÚN BANDEO DE FLUORESCENCIA

Mermoud SR<sup>1</sup>, A Cosacov<sup>1</sup>, AN Sérsic<sup>1</sup>, MC Acosta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), Universidad Nacional de Córdoba-CONICET. C.C. 495, 5000, Córdoba, Argentina.  
e-mail: mcacosta@imbiv.unc.edu.ar

*Calceolaria polyrhiza* crece en las regiones australes de Chile y Argentina. La especie posee una notable variación morfológica a lo largo de su amplio rango de distribución, y presenta cuatro morfotipos tradicionalmente considerados como especies distintas *polyrhiza*, *mendocina*, *lanceolata* y *prichardii*. Además, trabajos filogeográficos realizados en esta especie, permiten observar diferentes grupos genéticos estructurados geográficamente. En general, *Calceolaria* ha sido poco considerado en estudios citogenéticos, tanto así que solo existen trabajos que tratan sobre recuentos cromosómicos. El objetivo de esta contribución es caracterizar por primera vez la variabilidad intraespecífica de *C. polyrhiza* con bandeo de fluorescencia CMA (cromomícina)/DAPI (4'-6-diamidino-2-fenilindol). Se estudiaron 3 poblaciones pertenecientes al morfotipo *polyrhiza*, 2 de *prichardii* y 2 de *lanceolata*. Los individuos pertenecientes a los morfotipos *polyrhiza* y *lanceolata* presentaron  $2n=2x=18$  cromosomas, mientras que el morfotipo *prichardii* presentó poblaciones con distintos niveles de poliploidía ( $2n=4x=36$  y  $2n=6x=54$ ). Por otro lado, los individuos analizados del morfotipo *polyrhiza* mostraron un par cromosómico que lleva regiones organizadores nucleolares (NOR) CMA+/DAPI-, mientras que los pertenecientes al morfotipo *lanceolata* presentaron dos pares de NORs. Las poblaciones poliploides de *prichardii* exhibieron 1 NOR por complemento haploide. El análisis cariotípico preliminar señala que existen diferencias cariotípicas que se condicen con la variación morfológica observada en la especie.

## ORIGEN Y ESTABLECIMIENTO DE NEOPOLIPOIDES EN ZONAS DE CONTACTO 2X-4X DE *Turnera sidoides*

Kovalsky IE<sup>1,2</sup>, FI Contreras<sup>3</sup>, VG Solís Neffa<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). CC 209. 3400, Corrientes (Argentina).  
<sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE).  
<sup>3</sup>Instituto de Investigaciones Geohistóricas (UNNE-CONICET).  
e-mail: viviana@agr.unne.edu.ar

A fin de contribuir a la comprensión de los mecanismos de origen y establecimiento de neopoliploides en poblaciones naturales diploides, se estudiaron dos zonas de contacto 2x-4x del complejo autoploiploide *Turnera sidoides* ( $x=7$ ). Se emplearon métodos de citogenética y de SIG a fin de: 1) analizar la frecuencia y distribución de los citotipos y productores de gametos masculinos y femeninos  $2n$  a diferentes escalas espaciales; 2) evaluar la contribución efectiva de los gametos  $2n$  al origen de neopoliploides y 3) estimar la tasa de formación de neopoliploides. Los resultados mostraron que aunque los citotipos están segregados espacialmente en las zonas de contacto, a escala de micrositio coexisten individuos  $2x$  y  $3x$  junto a productores de gametos masculinos y/o femeninos  $2n$ . La mayoría de los embriones  $3x$  detectados se originaron a partir de la unión de gametos masculinos  $2n$  + gametos femeninos  $n$ , aunque los originados a partir de gametos femeninos  $2n$  tendrían una mayor ventaja en etapas posteriores del desarrollo. Las tasas de formación de neopoliploides estimadas, aunque bajas, concuerdan con los valores esperados en especies autoploiploides alógamas. La baja frecuencia de producción de gametos  $2n$ , el bloqueo triploide y la baja probabilidad de poliploidización sexual bilateral explicarían por qué no se hallaron sitios mixtos  $2x-4x$ . El establecimiento de neopoliploides constituiría una etapa crítica, siendo su baja frecuencia el resultado de fallas en el establecimiento de los neopoliploides en las poblaciones diploides de *T. sidoides* y no de su baja tasa de formación.

## RELACIÓN ENTRE EL ÍNDICE MITÓTICO Y LA TOLERANCIA A BAJAS TEMPERATURAS EN LA GERMINACIÓN DEL MAÍZ

Chorzempa SE<sup>1</sup>, OS Perniola<sup>2</sup>, C López<sup>1</sup>, MC Molina<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ, Llavallol. <sup>2</sup>Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, FCAYF-UNLP, Llavallol. <sup>3</sup>CONICET.

e-mail: chorzempa2000@yahoo.com.ar

El objetivo de este trabajo fue analizar la relación entre la tolerancia a frío y el índice mitótico de líneas de maíz durante la germinación a bajas temperaturas, para evaluar la factibilidad de que el índice mitótico pueda ser utilizado en un futuro, como un parámetro de selección genética. Se evaluaron cinco líneas de maíz de ciclo corto e intermedio, procedentes de poblaciones recolectadas en Chubut (SC1 y SC3), en la Décima Región de Chile (SC4 y SC5), en Pergamino, Buenos Aires (SC9) y una línea de ciclo largo (Mo17) como testigo. El ensayo de germinación se realizó en papel plegado, bajo dos regímenes de temperatura: 15° C/8° C y 30° C/20° C día/noche, respectivamente. Las radículas de las semillas germinadas, aparecidas diariamente y de longitud no mayor a 5 mm, se separaron del cariopse y se fijaron en solución Carnoy (3:1 alcohol etílico/ácido acético). Antes del montaje del preparado microscópico, se trataron con ácido clorhídrico 5N entre 20 y 40 min y se tiñeron con hematoxilina acética (se utilizó citrato férrico como mordiente). El índice mitótico se calculó efectuando el cociente entre la cantidad de células en división mitótica y el número total de células observadas. Las líneas se diferenciaron significativamente en dos grupos en función de la diferencia entre los índices mitóticos obtenidos en ambos tratamientos térmicos. Las líneas SC1, SC3 y SC9, que constituyen uno de los dos grupos, no verían afectada su germinación por las temperaturas frías, ya que sus índices mitóticos no son significativamente diferentes entre bajas temperaturas y temperaturas normales.

## TAMAÑO DEL GENOMA, NÚMERO DE CROMOSOMAS B Y PORCENTAJE DE HETEROCROMATINA EN POBLACIONES DE MAÍZ

Fourastié MF<sup>1</sup>, L Poggio<sup>1</sup>, J Cámara Hernández<sup>2</sup>, G González<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>IEGEB-CONICET, LACyE (Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires). <sup>2</sup>Cátedra de Botánica Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

e-mail: florenciafou@yahoo.com.ar

Las poblaciones de maíz nativo exhiben importantes diferencias en tamaño del genoma y número de cromosomas B. En el presente trabajo se estudió el contenido de ADN, el porcentaje de heterocromatina de *knobs* y el polimorfismo numérico para cromosomas B de tres poblaciones de la raza Garrapata, colectadas en Jujuy (Argentina). Los resultados obtenidos mostraron variación entre las poblaciones estudiadas, en el tamaño del genoma (entre 5,01 y 6,47 pg), el número medio de cromosomas B que osciló entre 2,6 y 3,1 (con un rango entre 0 y 7) y el porcentaje de heterocromatina de los *knobs* que varió entre 4,31% y 5,75%. El análisis conjunto de estos resultados reveló que el contenido de ADN se relaciona positivamente con el porcentaje de heterocromatina y el número medio de cromosomas B. Por otro lado, se realizaron experimentos de FISH (Hibridación *in situ* Fluorescente) para revelar la composición de secuencias de cada uno de los *knobs* y se midieron distintos parámetros cariotípicos. Con estos resultados se construyeron los idiogramas representativos y se estimó la composición de secuencias de cada *knob* en cada población. Este estudio muestra las relaciones que existen entre el contenido de ADN, cromosomas B y heterocromatina, así como el valor de los caracteres cariotípicos en la caracterización de las poblaciones de maíz autóctono.

CV 9

## VARIACIÓN DEL TAMAÑO DEL GENOMA Y DE PARÁMETROS CARIOTÍPICOS EN MAÍCES GUARANÍES ARGENTINOS

Realini MF<sup>1</sup>, L Poggio<sup>1</sup>, J Cámara-Hernández<sup>2</sup>, GE González<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IEGEB-CONICET, LACyE, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. <sup>2</sup>Cátedra de Botánica Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

e-mail: mr\_flor@hotmail.com

El maíz (*Zea mays* ssp. *mays*) muestra variación intraespecífica en el contenido de ADN total. La variación en el valor C se debería fundamentalmente a diferencias en el porcentaje de heterocromatina que conforma los *knobs*, así como a la presencia diferencial de secuencias repetidas dispersas en el genoma: elementos transponibles, secuencias centroméricas, teloméricas y ribosomales. En este trabajo se presenta el tamaño del genoma en 13 poblaciones representativas de las razas del noreste argentino. Los valores de 2C oscilan entre 3,96 pg y 7,56 pg siendo los valores medios entre 4,62 pg y 6,29 pg. Estos resultados fueron analizados mediante un análisis de la varianza (ANOVA) detectándose diferencias significativas entre las poblaciones estudiadas. Además, en 7 poblaciones se aplicaron las técnicas de bandeado DAPI y de Hibridación *in situ* Fluorescente (FISH) utilizando sondas de las secuencias *knobs* y ribosomales, se analizó la composición y porcentaje de heterocromatina de los *knobs* (entre ca. 5% y 16%) y se estimaron los parámetros cariotípicos. El análisis conjunto de estos resultados permitirá establecer hipótesis acerca de la naturaleza de los componentes genómicos que contribuyen a la variación del valor C y su relación con los parámetros cariotípicos.

CV 10

## CITOGENÉTICA DE ESPECIES DEL GÉNERO *Passiflora* L. DEL DIST. FÉLIX PÉREZ CARDOZO, DPTO. GUAIRÁ, PARAGUAY

Pereira Sühsner CD<sup>1</sup>, AI Honfi<sup>2</sup>, N Deginani<sup>3</sup>, MS Ferrucci<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Lab. de Análisis de Recursos Vegetales, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales -UNA, Paraguay. <sup>2</sup>Lab. de Citogenética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales - UNaM, Argentina. <sup>3</sup>Instituto de Botánica Darwinion, Labarden 200, Casilla de Correo 22, B1642HYD, San Isidro, Argentina. <sup>4</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), C.C. 209, 3400 Corrientes, Argentina.

e-mail: claudinha\_7@hotmail.com

El presente trabajo tuvo por objeto caracterizar cariológicamente las especies del género *Passiflora* L. del Distrito Félix Pérez Cardozo, Guairá - Paraguay. La meiosis se estudió en células madres del polen (CMP) coloreadas con carmín acético 2% y la viabilidad del polen se estimó siguiendo la técnica de carmín: glicerina (1:1). Cinco especies fueron registradas en el distrito: *P. alata* Curtis, *P. caerulea* L., *P. edulis* Sims (subgénero *Passiflora*), *P. misera* Kunth y *P. suberosa* L. (subgénero *Delacoba*). Por primera vez, se da a conocer el número cromosómico gamético  $n=9$  para *P. alata* y *P. caerulea*. Se han confirmado los números cromosómicos  $n=9$  para *P. edulis* y *P. misera*. El comportamiento meiótico en todas las especies estudiadas fue normal, con segregación regular de los cromosomas. La asociación cromosómica frecuentemente encontrada en diacinesis y metafase I fue de bivalentes. Ocasionalmente, en *P. misera* se forma un cuadrivalente, que sugiere la presencia de una translocación en heterocigosis. Las pocas irregularidades meióticas observadas consistieron en cromosomas rezagados en anafase I y fases asincrónicas en meiosis II. La viabilidad de polen de las especies estudiadas es alta, entre 78,83% y 98,6%. Los resultados confirman  $x=9$  como número básico para el subgénero *Passiflora* y están en contradicción con  $x=6$  para el subgénero *Delacoba*. Este estudio es una importante contribución al conocimiento sobre la distribución, taxonomía y citogenética de las especies de *Passiflora* de Paraguay.

## BANDEO CROMOSÓMICO FLUORESCENTE CMA/DA/DAPI EN *Paspalum indecorum* (MEZ)

Reutemann AV<sup>1</sup>, JR Daviña<sup>1</sup>, AI Honfi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal (IBS-CONICET-UNaM), Universidad Nacional de Misiones, Rivadavia 2370, C.P.3300, Posadas. e-mail: vreutemann@gmail.com

*Paspalum indecorum* es una especie subtropical del grupo Caespitosa, endémica del Sur de Paraguay, Sur de Brasil y Norte de Argentina, que posee interés forrajero. Es una especie de reproducción sexual, alógama por autoesterilidad y con meiosis regular. Se identificaron tres poblaciones diploides ( $2n=2x=20$ ), en Candelaria, Misiones, Argentina, cuyos ejemplares de herbario se encuentran en MNES. Una de ellas (H1458) se usó para la caracterización cromosómica. Mediante técnicas convencionales clásicas y el uso de triple coloración con fluorocromos, se analizaron los cromosomas mitóticos. El cariotipo está compuesto por 20 cromosomas metacéntricos. Se pudieron identificar la presencia de microsátélites en el brazo corto de los pares metacéntricos 2 y 3. Uno de los pares presentó CMA0/DAPI+, y el otro CMA-/DAPI+, indicando que la heterocromatina asociada a los 4 satélites observados, es rica en AT. En al menos 12 cromosomas del complemento se observaron finas bandas pericentroméricas DAPI+. Se trata de una especie que posee muy poca cantidad de heterocromatina constitutiva.

## ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO EN GENOTIPOS DE *Trichloris crinita* (LAG.) PARODI (POACEAE)

Kozub C<sup>1,2</sup>, ML Las Peñas<sup>3,4</sup>, PF Cavagnaro<sup>1,3,5</sup>, JB Cavagnaro<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias-Universidad Nacional de Cuyo. <sup>2</sup>Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM)-CONICET. <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>4</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV, CONICET-UNC). <sup>5</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-E.E.A. La Consulta. e-mail: carolinakozub@yahoo.com.ar

*Trichloris crinita* es una gramínea perteneciente a la subfamilia Chloridoideae, Poaceae. Es importante por su amplia distribución en el Monte, alta productividad y calidad forrajera. Con el objeto de caracterizar citotaxónicamente a *T. crinita* se analizaron 10 genotipos originarios de distintas zonas del Monte (Mendoza, Catamarca, San Juan y La Pampa), utilizando bandeo CMA/DAPI y FISH con sondas de genes ribosomales 18S-5,8S-26S (pTa71) y 5S. Todos los genotipos mostraron células somáticas con 40 cromosomas ( $2n=40$ ), con 2,5  $\mu$ m de longitud promedio y la mayoría metacéntricos. Dos cromosomas submetacéntricos fueron claramente distinguibles del resto. En todos los genotipos se identificó una banda CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup> asociada a la región organizadora nucleolar (NOR) co-localizada con el sitio del gen ribosomal 18S-5,8S-26S. Las señales de hibridación para 18S-5,8S-26S fueron terminales, en algunos genotipos en la región del satélite y parte del cromosoma que lo porta. La señal 5S se localizó en la región centromérica en un par cromosómico, asinténico al 18S-5,8S-26S. Los resultados indican que el patrón de distribución de heterocromatina, la posición y número de genes ribosómicos es conservado entre los genotipos. Las dos señales para cada sonda y el par de cromosomas homólogos submetacéntricos identificados sugieren que *T. crinita* es diploide o -en concordancia con estudios reportando poliploidía en otras especies de esta subfamilia- paleopoliploide o alopoliploide (alotetraploide;  $2n=4x=40$ ). Se requieren estudios adicionales para dilucidar el tipo de ploidía en *T. crinita*.

CV 13

## BANDEO DAPI-CMA<sub>3</sub> EN ESPECIES E HÍBRIDOS DE LA SECCIÓN *Notosolen* (*Andropogon*, GRAMINEAE) DEL CONO SUR

Hidalgo MIM<sup>1</sup>, EJ Greizerstein<sup>2</sup>, GA Norrmann<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Faculta de Ciencias Agrarias (UNNE)-Instituto Botánica del Nordeste (IBONE), Corrientes, Argentina. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ, Llavallol, Argentina. e-mail: mapyhidalgo@hotmail.com

La sección *Notosolen* Stapf, del género *Andropogon* L. está representada en el cono sur de Sudamérica por 3 especies 6x: *A. exaratus* Hack., *A. glaucophyllus* Ros., Arr. e Iza. y *A. barretoii* Norr. y Quarín. Se aplicó la técnica de bandeo DAPI/CMA<sub>3</sub> para revelar el número, distribución y composición de la heterocromatina constitutiva en especies e híbridos de esta sección. *A. barretoii* presenta en la mayoría de los cromosomas bandas teloméricas DAPI+/CMA<sub>3</sub>+ las cuáles en 3 pares se encuentran en ambos telómeros mientras que en la mayoría están en uno de ellos; un par muestra una banda telomérica DAPI+/CMA<sub>3</sub>-, un par bandas teloméricas DAPI+/CMA<sub>3</sub>- para un brazo, presentando también 5 pares que no muestran bandas. *A. exaratus* exhibe bandas centroméricas DAPI+/CMA<sub>3</sub>+ en 20 cromosomas. *A. barretoii* x *A. exaratus* muestra que 10 cromosomas no presentan señales y los restantes exhiben bandas centroméricas y teloméricas DAPI+/CMA<sub>3</sub>+ en forma conjunta. *A. glaucophyllus* x *A. exaratus* muestra 32 cromosomas bandeados y 28 sin bandas. De ellos, 20 con bandas teloméricas DAPI+/CMA<sub>3</sub>+ en 1 brazo; 4 bandas DAPI+/CMA<sub>3</sub>+ centroméricas; 4 bandas teloméricas DAPI+/CMA<sub>3</sub>+ en ambos brazos; 4 pares metacéntricos con bandas DAPI+/CMA<sub>3</sub>+ a lo largo del cromosoma. *A. barretoii* x *A. glaucophyllus* presenta 20 cromosomas sin bandas y los 40 restantes tienen en su mayoría bandas teloméricas. Esta técnica aplicada por primera vez en las especies de esta sección y sus híbridos permitió la individualización cromosómica y por ello sería una herramienta útil para inferir relaciones genómicas con las especies e híbridos de otras secciones.

CV 14

## POLYSOMATISM AND ITS IMPLICATION ON ORCHID MICROPROPAGATION BY MEANS OF PROTOCORM-LIKE BODIES

Fritsche Y<sup>1</sup>, F Deola<sup>2</sup>, MP Guerra<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Fisiología do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Brasil. <sup>2</sup>Laboratorio de Fisiología do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Brasil. <sup>3</sup>Laboratorio de Fisiología do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Brasil. e-mail: yfritsche@gmail.com

In orchid micropropagation, several somatic tissues are used as explants such as leafs, meristems, floral stalks and others. Tough polysomatic tissues are common in vascular plants, the knowledge of the ploidy level of explants used in orchid micropropagation and the consequences of its use are usually neglected. In the present investigation, flow cytometry was used for access the ploidy level of explants and regenerant of the orchid *Cattleya tigrina* A. Rich (Orchidaceae) obtained from the induction of in vitro protocorm-like bodies (PLB). Nuclei from sample tissues were extracted, stained with fluorochromes and analyzed in a flow cytometer. The analysis of the explants showed that leaf tissues were polysomatic, containing cells with different ploidy levels within the same tissue. The analysis of regenerants obtained after PLB regeneration showed that all the samples used had twice the ploidy (4n) level of the explants (2n) used in PLB induction. The main hypothesis highlighted to explain this observation was that the first PLB originates from explant cells with 4C DNA content, resulting, after one endoreduplication cycle, in regenerants with doubled ploidy level as compared to the explants tissues. Complementary investigations are suggested to support this hypothesis. However, the obtained result suggests a ploidy instability of the proposed regenerative protocol, which can be seen either as beneficial or detrimental depending on the final objective.

## UN MÉTODO SENCILLO PARA EL ESTUDIO DE LA MORFOLOGÍA CROMOSÓMICA EN PTERIDÓFITAS

Andrada AR<sup>1</sup>, VA Paez<sup>1</sup>, MS Caro<sup>1</sup>, M Hernandez de Teran<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Fundación Miguel Lillo.

e-mail: paezvaleria@hotmail.com

La estructura y organización del complemento cromosómico de una especie se refleja en su cariotipo. En vegetales se han descripto numerosas técnicas para obtener cromosomas dispersos. El más utilizado de los métodos, es el *squash*, después que el tejido ha sido sometido a una hidrólisis ácida o tratamientos enzimáticos. También se ha empleado con frecuencia la suspensión celular o *splash* luego de una digestión enzimática y tratamiento hipotónico con una solución de KCl. La metodología incluye pretratamiento con 8-hidroxiquinoleína 0,002M a 4° C durante 24 horas, fijación con *farmer* y coloración con hematoxilina propiónica, orceína acética o DAPI. En este trabajo se realizó un estudio comparativo, en circinos de helechos, de los métodos de *squash*, *splash* y una combinación de ambos (con modificaciones). La técnica surge como una necesidad de estudiar las Pteridofitas, grupo poco explorado citogenéticamente por las características morfológicas y cuantitativas de los complementos cromosómicos. La combinación de ambas técnicas evidenció cromosomas dispersos con óptima coloración en todos los casos. Esta metodología permitió alcanzar resultados confiables en cuanto a la morfología cromosómica, aún cuando el número de cromosomas era elevado. Este método se convierte en una herramienta eficaz para el análisis detallado de la organización del complemento cromosómico y elaboración de los cariotipos. De hecho estos no son frecuentes en helechos y podrían contribuir a resolver problemas taxonómicos y/o revelar detalles de sus patrones de evolución cromosómica.

## CARACTERIZACIÓN CITOLÓGICA DE PLANTAS DE AJO CULTIVADAS *IN VITRO*

Crede Y<sup>1</sup>, M Gimenez<sup>1</sup>, S García Lampasona<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, IBAM-CONICET. <sup>2</sup>EEA Mendoza, INTA.

e-mail: sgarcia@fca.uncu.edu.ar

El cultivo *in vitro* de ajo (*Allium sativum* L.) permite obtener plantas libres de virus, produciendo mejores rendimientos. Sin embargo, en estas condiciones se pueden generar cambios en el número de cromosomas como consecuencia de los reguladores de crecimiento empleados. *A. sativum* es una especie diploide (2n=16) que presenta cromosomas metacéntricos de gran tamaño. Con el objetivo de determinar si el cultivo *in vitro* genera cambios en el número de cromosomas se utilizaron raíces de ajos libres de virus de la cultivar Sureño INTA y como control raíces de ajos cultivados en campo. Las raíces se trataron con 8-hidroxiquinoleína, se fijaron en etanol:ácido acético (3:1), se digirieron con celulasa y se tiñeron con orceína acética. El 83,33% de las plantas de cultivo *in vitro* fueron mixoploides. El 33,33% presentó tanto células diploides como haploides y el 50% células diploides, haploides y con la mitad del número cromosómico haploide (4 cromosomas). También se detectaron aberraciones cromosómicas y anomalías morfológicas en una de las plantas utilizada como control. Estos datos nos permitirían concluir que el cultivo *in vitro* de ajo ocasiona variaciones en el nivel de ploidía. Algunas aberraciones cromosómicas observadas en las condiciones de cultivo en campo podrían ser las responsables de variaciones morfológicas.

CV 17

## EVALUACIÓN DE EFECTO ANTIMITÓTICO Y CITOTÓXICO POR DISTINTAS CONCENTRACIONES DE ALPERUJO EN *Allium cepa*

Hammann A<sup>1</sup>, LA Sachetti<sup>1</sup>, AG Rodriguez<sup>1</sup>, LV Ybañez<sup>1</sup>, MR Gordillo<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales.

e-mail: sebastian883@hotmail.com

Los residuos oleícolas originan un grave problema por ser fitotóxicos. El objetivo de este trabajo fue evaluar preliminarmente citotoxicidad y efecto antimitótico en plántulas de cebolla con tratamiento de alpeorujo. Se realizó germinación con análisis citogenético de semillas de *A. cepa* var. Angaco INTA crecidas en 5 placas de Petri, 20 semillas por placa. Se colectó datos a 48 h de crecimiento de radículas, a temp. 25° C. Se irrigó solo con H<sub>2</sub>O destilada la muestra testigo y con diluciones de alpeorujo-agua destilada al 12,5% y 25% v/v. Se calculó el índice de germinación para valorar relación dosis-respuesta de la fitotoxicidad del sustrato. Mediante técnica de aplastamiento *Squash* se estudiaron las células. Los ápice radiculares fueron fijados en Carnoy etanol-ácido acético 3:1 hidrolizado en HCL 1N durante 15 min. a 60° C, tiñéndose las mismas con fucsina. Los índices obtenidos no marcaron diferencia significativa entre los tratamientos y testigo, diferencia marcada en tamaño, forma nuclear y apariencia de cromosomas. Para obtener índice de germinación (IG) se determinó: números de semillas germinadas en testigo como en los tratamientos, medición de la longitud de las radículas resultando IG 68,8 para tratamiento de 12,5% y de 136,8 para el de 25%. El valor obtenido en el tratamiento con 25%, no sugiere beneficio sino es un comportamiento relacionado al medio adverso en disponibilidad de oxígeno y difusión del agua.

CV 18

## GIGANTE DE TARAUCÁ: A TRIPLOID PINEAPPLE FROM AMAZONIA

Scherer RF<sup>1</sup>, D Olkoski<sup>1</sup>, LVS Nicodem<sup>1</sup>, RO Nodari<sup>1</sup>, MP Guerra<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Graduate Program in Plant Genetic Resources, Plant Developmental Physiology and Genetics Laboratory, Federal University of Santa Catarina, Brazil.

e-mail: ramonrrs@gmail.com

Pineapple cultivars are normally diploids, however, some triploid plants have been found. These triploid cultivars present, among others traits, bigger fruits when compared to diploid ones. The “Gigante de Tarauacá” is a native pineapple genotype that produces big fruits (as much as 15 kg) in the region of Tarauacá, Acre State, Brazil. We hypothesized that this feature is related to polyploidy. Thus, we investigated the ploidy level of “Gigante de Tarauacá” by means of chromosome counting and flow cytometry, using the traditional diploid cultivar “Pérola” as a control. The chromosome counting was performed by means of Feulgen reaction and light microscopy, and the ploidy levels were compared by flow cytometry after the nuclei were isolated and treated with Propidium Iodide and RNase. The somatic chromosome numbers and ploidy levels identified by flow cytometry revealed the triploid nature of the “Gigante de Tarauacá” ( $2n=3x=75$ ) and the diploid status of “Pérola” ( $2n=2x=50$ ). To the best of our knowledge this is the first report of the triploid nature of the “Gigante de Tarauacá”.

## GENOMIC STUDY IN COCONUT (*Cocos nucifera* L.)

Freitas Neto M<sup>1</sup>, TNS Pereira<sup>2</sup>, MG Pereira<sup>2</sup>, SRR Ramos<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Instituto Federal Fluminense. <sup>2</sup>Universidade Estadual do Norte Fluminense. <sup>3</sup>EMBRAPA Tabuleiros Costeiros.  
e-mail: moniquefneto@gmail.com

The objective of this study was to characterize the genome of coconut genotypes, Dwarf and Tall genotypes, by conventional karyotyping, differential CMA/DAPI, fluorescence in situ hybridization (FISH) using telomere probes, and by determination of the DNA content via flow cytometry. The conventional karyotype root tips of plants from green dwarf coconut were pretreated with paradichlorobenzene during 10 h at 4° C. After, the root tips were fixed, digested by enzymes (20% pectinase and cellulase 2%), centrifuged and subsequently slides stained with Giemsa at 5%. The differential staining banding CMA/DAPI uses chromomycin A3 (CMA) that recognizes GC- rich sites, and 4',6 - diamidino - 2- phenylindole (DAPI), which recognizes AT -rich sites on chromosomes. The FISH technique identifies the position of DNA sequences on chromosomes by using telomeric probes. It was used 14 coconut genotypes, six from dwarf group and eight from tall group. By the conventional karyotype, the coconut has 2n=32 chromosomes and the chromosome length ranged from 5.57 µm to 2.13 µm. The karyotype is asymmetric. The banding CMA/DAPI revealed terminal blocks present in two chromosome pairs coinciding with the nucleolus organizer regions (RON). FISH revealed bands exclusively terminals in the telomeric region of all chromosomes. It can be also inferred that the average of 2C DNA content of Tall group is 5.59 pg and the Dwarf group is 5.55 pg. The size of the genome of the species is 5.57 pg which in terms of base pairs correspond to 5.347 Mpb, considered a genome of medium size.

## BANDEO CROMOSÓMICO EN DOS ESPECIES DEL GÉNERO *Habranthus* (AMARYLLIDACEAE)

Gianini Aquino AC, AI Honfi, JR Daviña. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal (IBS-CONICET-UNaM), Rivadavia 2370, C.P.3300, Posadas, Misiones, Argentina.  
e-mail: anita\_gianini@hotmail.com

El género *Habranthus*, de distribución casi exclusivamente sudamericana, cuenta con alrededor de 25 especies en Argentina y presenta cinco números básicos  $x=6, 7, 9, 11, 13$ . Se estudiaron con tinción clásica y molecular los cromosomas mitóticos de *Habranthus pedunculatus* Herb. y *H. robustus* Herb. ex Sweet. *H. pedunculatus* presenta un complemento cromosómico diploide con  $2n=2x=14$  cromosomas y fórmula cariotípica de 2 cromosomas metacéntricos (*m*), 6 submetacéntricos (*sm*) y 6 subtelocéntricos (*st*). La longitud total del complemento es de 73,77 µm y longitud cromosómica media es de 5,27 µm. El bandedo con CMA/DA/DAPI secuencial mostró bandas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup> en cuatro cromosomas. El primer par *m* presentó bandas terminales en ambos brazos cromosómicos, mientras en el brazo largo del par 6 *st*, se observaron bandas terminales asociadas al microsatélite. La heterocromatina constitutiva es rica en GC y alcanza 1,8 µm, representando tan solo el 2,47% del total del genoma. *H. robustus* posee  $2n=2x=12$  y fórmula cariotípica haploide  $3 m + 2 sm + 1 st$ . La longitud total del complemento es 106,13 µm y la longitud cromosómica media es de 8,92 µm. Las bandas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup> se localizaron en el brazo corto del par 5 *sm* asociada a un microsatélite. Además, se observaron bandas intersticiales DAPI<sup>+</sup>/CMA<sup>-</sup> en los brazos cortos de los pares 2 y 3 metacéntricos. La heterocromatina constitutiva asciende al 2,94% del complemento total, mayoritariamente rica en AT.

CV 21

## CARACTERIZACIÓN CROMOSÓMICA DE *Habranthus cardenasianus* TRAUB E I.S. NELSON (AMARYLLIDACEAE)

Daviña JR<sup>1</sup>, AI Honfi<sup>1</sup>, LLE Zappani<sup>1</sup>, M Navarro<sup>1</sup>, EJ Martinez<sup>2</sup>, E Tapia-Campos<sup>3</sup>, R Barba-Gonzalez<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal (IBS-CONICET-UNaM) nodo Posadas, Universidad Nacional de Misiones. <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), C.C. 209, 3400 Corrientes, Argentina. <sup>3</sup>Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco A.C. Biotecnología Vegetal (CIATEJ-CONACYT).  
e-mail: juliordavina@gmail.com

Recientemente, se localizó una población de *Habranthus cardenasianus* de la Provincia de Salta, Argentina. Se trata de una especie de gran interés para la conservación como para el mejoramiento genético por sus cualidades ornamentales. El objetivo de este trabajo fue caracterizar cromosómicamente a esta especie y para ello, se utilizaron técnicas clásicas convencionales, para determinar el número cromosómico, nivel de ploidía y cariotipo, en cambio mediante hibridación fluorescente *in situ* se localizaron los genes ribosomales. Por primera vez, se da a conocer que *H. cardenasianus* posee  $2n=4x=24$ , cuya condición tetraploide se basa en  $x=6$ . La fórmula cariotípica consiste en 12 cromosomas metacéntricos (m) y 12 submetacéntricos (sm). La longitud total del complemento haploide (LTCH) es de 88,92  $\mu\text{m}$  y el tamaño genómico alcanza a 177,84  $\mu\text{m}$ . El índice centromérico medio (i) es de 37,02, la longitud cromosómica media es de 7,41  $\mu\text{m}$ , datos que indican que se trata de un cariotipo levemente asimétrico debido a que, pertenecen a la categoría 2A de Stebbins y además, porque poseen valores de asimetría intracromosómica ( $A_1$ ) de 0,373 e intercromosómica ( $A_2$ ) de 0,204 de Romero Zarco. La región heterocromática observada es CMA<sup>+</sup>DAPI, y se ubican en 4 cromosomas. La hibridación *in situ* fluorescente mostró los sitios de hibridación de las sondas de ADN ribosómico, logrando con esto la identificación de cromosomas individuales. La caracterización citogenética obtenida permitirá monitorear e identificar materiales selectos para su conservación y planes de mejoramiento.

CV 22

## POLIMORFISMO PARA CROMOSOMAS B EN POBLACIONES DE *Zephyranthes mesochloa* (AMARYLLIDACEAE)

Zappani LLE, AI Honfi, JR Daviña. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal (IBS-CONICET-UNaM), Rivadavia 2370, C.P.3300, Posadas, Misiones, Argentina.  
e-mail: leandrozappani@fceqyn.unam.edu.ar

El género *Zephyranthes* agrupa aproximadamente 50 especies nativas de América tropical y subtropical que habitan desde el SE de Estados Unidos hasta la Patagonia. En *Zephyranthes* y géneros allegados los cromosomas B son muy frecuentes. *Zephyranthes mesochloa* es una especie de amplia distribución que presenta poblaciones diploides y tetraploides en base a  $x=6$ . Además, recientemente se han identificado poblaciones de *Z. mesochloa* que presentan polimorfismo para la presencia de un cromosoma B. Con el objetivo de estudiar la naturaleza de este cromosoma se utilizaron técnicas citogenéticas clásicas y moleculares mediante tinción CMA/DA/DAPI secuencial y bandeo C-DAPI en una población de *Z. mesochloa* de Posadas, Misiones. La población estudiada presentó individuos con  $2n=12 + 0B$ ;  $12 + 1B$ ;  $12 + 2B$  y  $12 + 3B$ . El mantenimiento y acumulación de los cromosomas B en la población, podría estar facilitada por el comportamiento meiótico regular observado en el citotipo  $2n=12 + 1B$ . No se observaron bandas CMA<sup>+</sup>, DAPI<sup>+</sup> o bandas C-DAPI sobre los cromosomas B, hecho que indica que el cromosoma B es de reciente origen y no ha sufrido aún procesos de heterocromatinización.





EPG

COMUNICACIONES LIBRES

# EPIGENÉTICA



## HISTONAS H2A DE FENOTIPO SILVESTRE Y MUTANTES EN *Trypanosoma cruzi*. EFECTO SOBRE PROLIFERACIÓN

Julio B<sup>1</sup>, S Sepúlveda<sup>1</sup>, L Valenzuela<sup>1</sup>, G Cabrera<sup>1</sup>, N Galanti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

e-mail: ngalanti@med.uchile.cl

*Trypanosoma cruzi*, agente causal de la enfermedad de Chagas, sobrevive al daño oxidativo al ADN tanto en el insecto vector como en el hospedero mamífero. En eucariontes recientes la fosforilación de la histona H2AX en Ser<sup>139</sup> es una respuesta temprana fundamental para la reparación del ADN. En tripanosomátidos no se ha identificado genes ortólogos para H2AX pero en *T. brucei* se detectó que H2A canónica es fosforilada en Thr<sup>130</sup> a causa de daño al ADN. En *T. cruzi* este residuo corresponde a Thr<sup>131</sup> y su rol en la respuesta al daño del ADN no se ha estudiado. Se realizaron tres mutaciones sitio-dirigidas en el codón que codifica para Thr<sup>131</sup> de H2A de *T. cruzi*: alanina (no fosforilable), ácido glutámico y ácido aspártico (simulación fosforilación). Las secuencias nucleotídicas fueron insertadas en el vector pTREX, transfectadas a epimastigotes de *T. cruzi* y expresadas como proteínas de fusión con GFP. Se comprobó la expresión de las proteínas mediante visualización directa por microscopía de fluorescencia, IF y western blot. Las histonas unidas a GFP se localizan a nivel de núcleo, sugiriendo asociación con la cromatina. Parásitos que expresan H2A Thr<sup>131</sup>Ala proliferan más lento que aquellos que sobreexpresan la histona silvestre. Se concluye que la sustitución Thr<sup>131</sup>Ala en la histona H2A afecta negativamente la proliferación del parásito. Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1130113

## PATRONES GENÓMICOS DE METILACIÓN Y ANCESTRÍA GENÉTICA EN PACIENTES CON CÁNCER DE MAMA DE URUGUAY

Cappetta M<sup>1</sup>, L Brignoni<sup>1</sup>, N Artagaveytia<sup>2</sup>, O Stefansson<sup>3</sup>, M Esteller<sup>3,4,5</sup>, B Bertoni<sup>1</sup>, M Berdasco<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Genética. Facultad de Medicina, UdelaR, Uruguay. <sup>2</sup>Departamento Básico de Medicina. Facultad de Medicina, UdelaR. <sup>3</sup>Cancer Epigenetics and Biology Program (PEBC), Bellvitge Biomedical Research Institute, L'Hospitalet de Llobregat, Barcelona, Catalonia, Spain. <sup>4</sup>Department of Physiological Sciences II, School of Medicine, University of Barcelona, Barcelona, Catalonia, Spain. <sup>5</sup>Institució Catalana de Recerca i Estudis Avançats (ICREA), Barcelona, Catalonia, Spain.

e-mail: bbertoni@fmed.edu.uy

Las alteraciones en los patrones de metilación del ADN han sido asociadas con diferentes tipos de tumores. Aunque estos patrones son tejido-específicos, datos recientes indican que cambios epigenéticos en leucocitos son promisorios marcadores de riesgo para tumores. Para detectar marcadores en cáncer de mama esporádico en la población uruguaya, determinamos el nivel de metilación del ADN de leucocitos (gADNmet) en 86 pacientes y 92 controles mediante cuantificación relativa de 5mC y medimos metilación sitio-específica utilizando HumanMethylation450 microarray. Encontramos una hipometilación gADNmet en pacientes en comparación a controles sanos, sugiriendo su potencial uso como marcador de riesgo. Dado que la población uruguaya es mestizada, estudiamos la correlación entre gADNmet y ancestría genética individual. Se detectó una correlación negativa entre ancestría africana y gADNmet en pacientes, lo cual sugiere que la estructura ancestral del genoma podría modelar los patrones de metilación. Se identificaron 77 sitios CpG diferencialmente metilados en pacientes, que incluyen genes conocidos asociados a cáncer y otros nuevos en oncogénesis. Este panel fue caracterizado y validado en muestreo independiente de tejidos mamarios, diferenciando leucocitos de pacientes con cáncer de mama de controles, así como tejido mamario sano del tumoral. Detectamos metilación diferencial del ADN a nivel global y sitio-específico en leucocitos de pacientes con cáncer de mama esporádico, sugiriendo la existencia de variación sistémica en la metilación del ADN asociada con riesgo a cáncer.

### DNA METHYLATION LEVELS ARE AFFECTED BY SUBCULTURE PERIODS DURING SOMATIC EMBRYOGENESIS OF *Araucaria*

Fraga HPF<sup>1</sup>, LN Vieira<sup>1</sup>, CC Puttkammer<sup>1</sup>, MP Guerra<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Graduate Program in Plant Genetic Resources, Plant Developmental Physiology and Genetics Laboratory, Federal University of Santa Catarina.

e-mail: hugopff@gmail.com

In somatic embryogenesis, the dedifferentiation of target cells and the acquisition of embryogenic competence are modulated by DNA methylation and mediated by phytohormones, such as 2,4-dichlorophenoxyacetic acid (2,4-D). This study aimed to investigate the global DNA methylation levels (GDML) in embryogenic cultures (EC) of *Araucaria angustifolia* exposed or not to 2,4-D after subculture periods. The plant material consisted of: zygotic embryos derived from immature cones; EC from the third cycle multiplication in the presence and absence of 2,4-D, until the 17th cycle, every two cycles. The results obtained for EC maintained in 2,4-D absence showed an heterogeneous pattern of GDML between successive multiplication cycles. Until the third cycle of subculture GDML remained constant (15.38%) as compared to control (15.98%), with a drop in the seventh cycle and then increased again. This unstable behavior persisted until the 17th cycle. EC maintained in 2,4-D presence indicated a regular pattern, with a initial decrease in GDML in the third cycle (10.62%), and remaining stable until the seventh cycle. From the ninth cycle (12.96%) there was a gradual and constant increase in methylation rate resulting in 14.43% in the 17th cycle. These results suggest that 2,4-D presence in culture medium is essential for the cells maintenance in an undifferentiated state during early development of *A. angustifolia*. It was also observed that the exposure time to 2,4-D interferes in GDML levels, which can affect the embryogenic competence and consequently the somatic embryos obtention.

### CAMBIOS DE METILACIÓN DEL ADN EN RESPUESTA A ESTRÉS Y SU RELACIÓN CON LA APOMIXIS EN PASTO LLORÓN

Rodrigo JM<sup>1</sup>, D Zappacosta<sup>1,2</sup>, V Echenique<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>CERZOS-CCT Bahía Blanca. <sup>2</sup>Dto. de Agronomía UNS.

e-mail: echeniq@criba.edu.ar

El estrés ejerce sus efectos sobre el organismo, no sólo a través de las vías de respuesta fisiológica, sino también a través de vías genéticas y epigenéticas, y el modo reproductivo no es ajeno a esta situación. Nuestro objetivo fue determinar el efecto de diferentes factores que generan estreses genómicos sobre la expresión de la apomixis en pasto llorón, como el estrés hídrico, el cultivo in vitro, la poliploidización y la hibridación intraespecífica. Para ello, se analizaron sacos embrionarios de plantas de distintos genotipos de pasto llorón luego de haber sido sometidas a dichas condiciones. Además, se realizaron pruebas de progenie con marcadores moleculares y se analizó el nivel de metilación de los genomas luego de los diferentes tratamientos. Se analizó la ocurrencia de cambios en el tiempo en el genoma (AFLPs) y en el epigenoma (MSAP). En plantas sometidas a estrés hídrico se hallaron cambios en el nivel de metilación y el número de sacos sexuales producidos por las plantas con un alto grado de correlación ( $R^2=0,8$ ). Luego de la hibridación intraespecífica se observaron en dos híbridos diferentes, cambios en la estructura genética y epigenética que también fueron asociados a los niveles de apomixis/sexualidad. En ambos casos, las secuencias de las bandas mostraron homología con elementos transponibles. Los resultados obtenidos nos permiten discutir acerca del posible mecanismo de apomixis en pasto llorón, postulando la existencia de una región sujeta a control epigenético.

## CAMBIOS EPIGENÉTICOS EN MAÍZ BAJO ESTRÉS SALINO

Barca HJ<sup>1</sup>, MB Collado<sup>1</sup>, MB Aulicino<sup>1</sup>, M Arturi<sup>1</sup>, MC Molina<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP. <sup>2</sup>CONICET.

e-mail: hernanbarca@hotmail.com

Las plantas expuestas a condiciones de estrés, pueden sufrir alteraciones epigenéticas heredables o modificaciones en la expresión génica, que no son acompañadas por cambios en la secuencia de ADN. El objetivo del trabajo fue evaluar el posible efecto epigenético sobre el crecimiento y desarrollo del maíz expuesto a distintas concentraciones salinas. La línea SC75 se expuso a tres tratamientos: sin sal (Control), 50mM de NaCl (Sal I) y 100 mM de NaCl (Sal II). Cada una de sus progenies fue sometida a los mismos tratamientos durante tres años consecutivos. Los caracteres evaluados fueron: área foliar y comportamiento en salinidad. De los resultados se dedujo que: i) En Control las progenies provenientes de generaciones con dos o más años en salinidad mostraron un área foliar significativamente mayor. ii) En Sal I, las progenies de plantas expuestas previamente a salinidad, evidenciaron un área foliar significativamente mayor a las no expuestas y mejoraron su comportamiento en sal; aunque un mayor número de generaciones en sal no incrementaron su área y iii) En Sal II el comportamiento del área foliar fue similar a Sal I; por otro lado las plantas con tres generaciones en sal no toleraron la alta concentración salina y murieron al igual que las plantas provenientes de tratamientos sin sal. En conclusión, los ambientes maternos salinos inducen cambios epigenéticos en el maíz que se transmiten a las próximas generaciones. La exposición sucesiva al estrés no incrementaría los cambios epigenéticos. Estos cambios no serían permanentes para el comportamiento frente a la salinidad.

## VARIABILIDAD EPIGENÉTICA EN ESPECIE SILVESTRE DE PAPA *Solanum kurtzianum* EN UN GRADIENTE ALTITUDINAL

Ibáñez VN<sup>1</sup>, F Berli<sup>2</sup>, RW Masuelli<sup>1</sup>, CF Marfil<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET. <sup>2</sup>Laboratorio de Bioquímica Vegetal, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET.

e-mail: veronicanoeibanez@gmail.com

Desde una perspectiva ecológica es relevante evaluar la magnitud y estructura de la variación genética y epigenética dentro y entre poblaciones naturales, dilucidar si existen patrones sistemáticos de variación en relación a factores ambientales y reconocer en qué medida reorganizaciones a gran escala del genoma pueden participar en la respuesta de las plantas ante diferentes retos ambientales. Se analizó la variabilidad genética con AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) y epigenética con MSAP (*Methylation Sensitive Amplified Polymorphism*) de nueve poblaciones naturales de *Solanum kurtzianum* distribuidas a lo largo de un gradiente altitudinal en la Reserva Natural Villavicencio, Mendoza. No se encontraron diferencias entre poblaciones con AFLP, mientras que con MSAP las plantas de la población de mayor altitud mostraron patrones epigenéticos que la diferenciaron del resto. Adicionalmente, se recolectaron dos genotipos a los 1200 y 2100 m snm, se multiplicaron y obtuvieron clones que se cultivaron en jardines comunes a diferentes altitudes dentro de la Reserva. Los clones cuando fueron cultivados en un sitio contrastante a su sitio de origen experimentaron una desmetilación general de su genoma. Actualmente estamos evaluando cambios fenotípicos experimentados por los clones cultivados en los diferentes sitios y si existen epialelos que de acuerdo a sus frecuencias en las diferentes poblaciones se encuentren bajo selección.





FG

COMUNICACIONES LIBRES

# FARMACOGENÉTICA



## PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA. DIAGNÓSTICO MOLECULAR EN PACIENTES ARGENTINOS

Cerbino GN<sup>1</sup>, MV Rossetti<sup>1,2</sup>, A Batlle<sup>1</sup>, VE Parera<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP) - UBA/CONICET Hospital de Clínicas. <sup>2</sup>Departamento de Qca Biológica - FCEN-UBA. e-mail: vicky@qb.fcen.uba.ar

La Porfiria Cutánea Tardía (PCT) se produce por una deficiencia en la Uroporfirinógeno decarboxilasa (URO-D). Hay 2 tipos principales: PCT-A (adquirida) y PCT-H (hereditaria) producida por mutaciones en el gen UROD, transmitida en forma autosómica dominante con baja penetrancia. Su manifestación se asocia a factores desencadenantes: consumo de alcohol, hormonas, sobrecarga de hierro, etc. Se estudiaron molecularmente 10 familias diagnosticadas bioquímicamente como PCT que, por sus antecedentes familiares, podrían ser PCT-H, estudio esencial para realizar el diagnóstico presintomático familiar. A partir de sangre periférica se amplificó y secuenció el gen UROD. En una paciente de 24 años con ampollas en dorso de manos por uso de anticonceptivos orales, se detectó una mutación nueva: c.325delG que produce corrimiento del marco de lectura y un codón stop 28pb río abajo. Se encontraron otras 6 mutaciones ya reportadas, 3 de ellas nuevas en la población argentina (c.231+1G T; Q206X, G205R) y 3 ya descriptas en el CIPYP (c.10insA, g.645del1053pb.p.G222W). Tres familias portan la mutación c.10insA ascendiendo su prevalencia a 27% (14/51), hecho de destacar dado que se trata de una patología genéticamente heterogénea. En otras 2 familias se detectó la mutación g.645del1053pb que conduce a la pérdida del exón 2 al 6. Se analizaron además 13 familiares encontrándose 5 individuos normales y 8 portadores de la mutación familiar, permitiendo su asesoramiento acerca del contacto con los agentes desencadenantes de la enfermedad y evitar así su expresión clínica.

## PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA. DESENCADENAMIENTO Y SU RELACIÓN CON EL SISTEMA CITOCROMO P450

Villanueva MM<sup>1</sup>, BX Granata<sup>1</sup>, FP Colombo<sup>1</sup>, A Batlle<sup>1</sup>, VE Parera<sup>1</sup>, MV Rossetti<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP), Hospital de Clínicas, UBA-CONICET. <sup>2</sup>Departamento de Química Biológica, FCEyN, UBA. e-mail: rossetti@qb.fcen.uba.ar

La Porfiria Cutánea Tardía (PCT) es el desorden más frecuente de todas las Porfirias. Es consecuencia de una disminución en la actividad de la uroporfirinógeno decarboxilasa (URO-D) en todos los tejidos o sólo en hígado, en PCT hereditaria (PCT-H) y adquirida (PCT-A) respectivamente. Su desencadenamiento esta asociado a contacto con factores porfirinogénicos como alcohol, hormonas, hidrocarburos policíclicos aromáticos, etc. Considerando que los CYPs 1A1 y 1A2 están involucrados en la metabolización de compuestos que inhibirían a la URO-D hepática se analizaron 3 polimorfismos en pacientes con PCT-H y PCT-A en la población argentina comparados con un grupo control, con el objetivo de estudiar la susceptibilidad para el desencadenamiento de la sintomatología. Se analizaron 80 pacientes con diagnóstico bioquímico y molecular de PCT. Se utilizó PCR-RFLP para el análisis de los polimorfismos: rs762551 del CYP1A2, rs1048943 y rs1799814 del CYP1A1. Cada una de las variantes se compararon con 65 controles. Para el análisis estadístico se utilizó el test de Chi cuadrado y el test de Fischer. No se encontraron diferencias estadísticas para el polimorfismo del CYP 1 A 2 ni para el rs1799814 del CYP 1 A 1. El único polimorfismo que evidenció diferencias significativas fue el rs1048943 del gen CYP1A1, para las variantes A/A (p=0,0037) y A/G (p=0,001). Este estudio sugiere que individuos con la variante alélica A y el genotipo A/A, en conjunción con otros factores de susceptibilidad, tendrían un riesgo incrementado de desarrollar PCT.

## ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL EXÓN 21 DEL GEN MDR1 EN LA ASOCIACIÓN PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA-VIH

Zuccoli J<sup>1</sup>, V Melito<sup>1,2</sup>, S Ruspini<sup>1</sup>, J Lavandera<sup>3</sup>, M Abelleyro<sup>4</sup>, V Parera<sup>1</sup>, MV Rossetti<sup>1,2</sup>, A Batlle<sup>1</sup>, AM Buzaleh<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>CIPYP, CONICET, Hospital de Clínicas José de San Martín, UBA. <sup>2</sup>Departamento de Química Biológica, FCEN, UBA. <sup>3</sup>Cátedra de Bromatología y Nutrición, Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, UNL, Santa Fe. <sup>4</sup>Laboratorio de Genética Molecular de la Hemofilia, IMEX, CONICET-Academia Nacional de Medicina.  
e-mail: johannazuccoli@hotmail.com

La glicoproteína transmembrana (PgP) codificada por el gen de Resistencia a Multidrogas 1 (MDR1) es un transportador de numerosos xenobióticos y antirretrovirales. La Porfiria Cutánea Tardía (PCT) se desencadena por hepatotóxicos y virus hepatotrópicos; en Argentina existe una importante asociación PCT-VIH (16%). En la búsqueda de un vínculo para dicha asociación, se estudiaron los exones 26 (c.3435 C>T) y 12 (c.1236 C>T) del gen MDR1 en individuos PCT y PCT-VIH encontrando una posible influencia del SNP c.3435C>T en el desencadenamiento de la Porfiria. El SNP del exón 12 se halló en menor frecuencia en PCT-VIH. El objetivo fue genotipificar el exón 21 (c.2677G>T/A) en una población control, PCT y PCT-VIH. Se usó la técnica de PCR-RFLP con *primers* diseñados para amplificar 1100 pb. El producto PCR se digirió con BseYI y BsrI para analizar los SNP G>T y G>A respectivamente. La técnica se validó por secuenciación automática. Se observaron diferencias significativas para el genotipo GG entre los grupos control (8/26; p<0,01) y PCT (7/26; p<0,05) respecto de PCT/VIH (0/26). El genotipo GT se halló en un mayor número de individuos PCT/VIH (16/26) respecto de los grupos control (10/26) y PCT (11/26). La frecuencia del alelo T fue: 0,46 (control); 0,50 (PCT) y 0,67 (PCT-VIH), con diferencias significativas entre los grupos control y PCT-VIH (p<0,05). Los resultados indicarían una posible influencia del SNP c.2677G>T en el desencadenamiento de la PCT en los pacientes VIH, posiblemente asociada a la terapia antirretroviral, y es llamativa la ausencia del genotipo GG en este grupo.

## AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS ENDOFITICAS A PARTIR DE HORTALIZAS

Albarracín N, C Gaudioso, C Silva. Cátedra Bacteriología, Fac. Bioquímica, Química y Farmacia. UNT. Tucumán.  
e-mail: nadiaalbarracin@hotmail.com

Las bacterias endofíticas colonizan tejidos internos de las plantas estableciendo relaciones de simbiosis, mutualismo, comensalismos y trofobióticas. Las endofíticas pueden ser benéficas para el propio huésped produciendo un amplio rango de sustancias naturales con potencial uso en medicina, agricultura e industria. Actualmente se realizan investigaciones sobre nuevos metabolitos que podrían ser nuevas drogas para tratamientos efectivos de enfermedades en plantas, animales y humanos. El objetivo de este trabajo fue aislar, identificar fenotípica y genotípicamente bacterias endofíticas a partir de hortalizas. Materiales y Métodos: a) Se cultivó acelga en macetas. A los 2 meses, se seleccionaron plantas de 10 cm de alto, se desinfectaron superficialmente, se separaron raíz, tallo y hoja de cada planta, se sembraron en medios de cultivo nutritivos, diferenciales y selectivos y se incubaron a 37° C, 24 hs. Se identificaron por propiedades bioquímicas: coloración de Gram, producción de indol, de enzimas, de sideróforos, decarboxilasas, movilidad, presencia de flagelos por microscopía electrónica, fermentación-oxidación de azúcares y genotípicamente, el ADN genómico se extrajo y se purificó con el método del CTAB. El gen 16S rDNA se amplificó con los *primers* 27F y 1492R. Las secuencias obtenidas se compararon con las disponibles en GenBank usando el algoritmo BLASTn. Resultados: se aislaron 100 cepas de endofíticas y se seleccionaron 6 de ellas por sus propiedades antimicrobianas y se identificaron como *Pseudomonas aeruginosa*, *P. putida* y *P. denitrificans*.



**GBIO**

COMUNICACIONES LIBRES

# GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA



## ASPECTOS EVOLUTIVOS DEL CROMOSOMA 7 Y DE LA REGIÓN DE DELECCIÓN DEL SÍNDROME DE WILLIAMS-BEUREN

Pastene E. Centro Nacional de Genética Médica "Dr. Eduardo E. Castilla", ANLIS, C. A. de Buenos Aires.  
e-mail: epastene@gmail.com

El síndrome de Williams-Beuren (SWB) se debe a una delección en la banda 7q11.23. Esta región está delimitada por duplicaciones segmentarias que han aumentado en número y complejidad durante la evolución de los primates. Utilizando herramientas bioinformáticas se comparó el cromosoma 7 humano con aquellas especies de primates que cuentan con un proyecto genómico ensamblado al nivel cromosómico. Para ello se desarrolló un software que representa el %GC a lo largo de la secuencia nucleotídica como una sucesión de líneas en tonos de gris reproduciendo un patrón de bandas G (bando *in silico*). Como dato de interés se observa que el ensamble del cromosoma 7 de *Gorilla gorilla* (gorGor 3.1) no muestra la presencia de una inversión paracéntrica registrada en la literatura en base a datos experimentales. En un análisis más detallado de la región de delección se reconstruyó el mapa físico actualizado a las versiones genómicas GRCh38.1, Pan\_troglodytes-2.1.4 y gorGor 3.1 observándose una inversión de la región completa en el genoma de chimpancé. Además se evaluó la presencia de fragmentos repetidos en el cromosoma 7 humano y se observaron 20 repeticiones de un fragmento que contiene genes *SPDYE* (*WBSCR19*) localizados en regiones cercanas a los puntos de ruptura de inversiones evolutivas en las bandas 7p22.1, 7p13, 7q11.23 y 7q22, que están presentes en número elevado en chimpancé y gorila y que disminuyen su número en especies inferiores. Estas repeticiones podrían dar indicios del origen de la complejidad de las duplicaciones segmentarias que rodean a la región de delección del SWB.

## PREDICCIÓN DE LA ACTIVIDAD RESIDUAL *IN SILICO* DE MUTACIONES NOVELES EN CYP21A2

Bruque CD<sup>1,2</sup>, M Delea<sup>1</sup>, JV Orza<sup>1</sup>, CS Fernández<sup>1</sup>, M Taboas<sup>1</sup>, LD Espeche<sup>1</sup>, N Buzzalino<sup>1</sup>, AD Nadra<sup>3</sup>, L Dain<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Biología y Medicina Experimental, CONICET, Buenos Aires, Argentina. <sup>3</sup>Departamento de Química Biológica, IQUIBICEN-CONICET, FCEN, UBA, Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: bruque\_carlos@hotmail.com

La deficiencia de 21-hidroxilasa (21OHLasa) es la causa del 90-95% de los casos de hiperplasia suprarrenal congénita. Recientemente, se logró cristalizar la primera proteína CYP21 de origen bovino que posee un 79% de identidad de secuencia con la humana. El objetivo del trabajo fue desarrollar un modelo molecular *in silico* de la proteína humana y predecir el efecto patogénico de mutaciones noveles halladas en el gen *CYP21A2*. Se realizó un modelado molecular mediante el programa Modeller V.9.1 tomando como templatado la cristalografía de la proteína bovina (3QZ1). Se analizaron 94 mutantes para las cuales se conocía su actividad residual (AR) *in vitro* por bibliografía. Se excluyeron aquellas mutantes (n=54) que se ubicaban en sitios de unión al hemo, sustratos u otras proteínas y para las otras 40 mutaciones se determinó la estabilidad proteica con el programa FOLDX. Los valores de estabilidad se correlacionaron con la AR obtenida *in vitro*. A partir del modelo y de esta correlación se caracterizaron 3 de 4 mutaciones noveles halladas en pacientes de nuestra cohorte. La correlación entre la AR y la estabilidad proteica fue de  $R^2=0,78$ . p.L107Q interacciona con el Hemo y para p.L122R y p.P335S, se obtuvo una AR *in silico* de 23% y 100%, respectivamente. Dada la elevada correlación obtenida, este nuevo modelo sería útil como herramienta para determinar la AR *in silico* de mutaciones noveles en las que no se conoce la AR *in vitro*. Los resultados de esta predicción serán validados por ensayos funcionales.

## MAMUSHKA: UN NUEVO ALGORITMO PARA DETECTAR MOTIVOS REPETIDOS ANIDADOS

JR Romero<sup>1</sup>, JA Carballido<sup>2</sup>, I Garbus<sup>1</sup>, VC Echenique<sup>1,3</sup>, I Ponzoni<sup>2,4</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS)-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. <sup>2</sup>Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. <sup>3</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. <sup>4</sup>Planta Piloto de Ingeniería Química (PLAPIQUI)-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. e-mail: jromero@criba.edu.ar

La identificación de motivos anidados en secuencias genómicas es un problema computacional complejo. La detección de estos patrones es importante para descubrir elementos transponibles (TEs), que sufrieron inserciones, transcripciones incompletas, deleciones y mutaciones a través de su evolución. En particular, los elementos transponibles de clase I, que se caracterizan por ser los más abundantes en los genomas vegetales, constituyen bloques que pueden anidarse dentro de otros elementos de transposición, semejando las muñecas rusas. Existen diferentes metodologías para la identificación de TEs pero las mismas poseen limitaciones significativas para la detección de LTRs (Repeticiones Terminales Largas) anidados. Es por ello que se diseñó un algoritmo *de novo*, denominado Mamushka, que permite detectar motivos anidados, es decir motivos flanqueados por otro motivo, basado en la búsqueda exhaustiva de pares de motivos. Los patrones identificados por el algoritmo se agrupan y se muestran en tres categorías: 1) motivos dentro de otros motivos, 2) motivos flanqueados por otros motivos y 3) motivos largos. Mamushka fue probado utilizando secuencias transcriptómicas y genómicas de dos especies vegetales: *Eragrostis curvula* y *Aegilops tauschii*. Los experimentos muestran que el algoritmo desarrollado permite, efectivamente, encontrar TEs anidados. Estos resultados fueron validados utilizando el software *RepeatMasker*, demostrando la eficacia y utilidad del método desarrollado.

## SECUENCIA Y ANÁLISIS PRIMARIO DE LA BACTERIA *Delftia* sp. JD2

Jara E<sup>1</sup>, A Iriarte<sup>1,2</sup>, M More<sup>3</sup>, S Castro<sup>4</sup>, H Musto<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Organización y Evolución del Genoma, Facultad de Ciencias, Montevideo, Uruguay. <sup>2</sup>Dpto. de Bioquímica y Genómica Microbianas y Dpto. Genómica, IIBCE, Montevideo, Uruguay. <sup>3</sup>Microbiología Molecular, IIBCE, Montevideo, Uruguay. <sup>4</sup>Sección Bioquímica, Facultad de Ciencias, Montevideo, Uruguay. e-mail: eugeniojara19@gmail.com

*Delftia* sp. JD2 es una procariota que pertenece a la clase  $\beta$ -proteobacterias. Posee una gran versatilidad en sus vías metabólicas, reduce Cr (VI) a Cr (III) y es capaz de fijar N<sub>2</sub> en vida libre, con una nitrogenasa que funciona con vanadio. En este resumen comunicamos la secuenciación y ensamblado del genoma de *Delftia* sp. JD2, su clasificación filogenética y comparación con dos organismos emparentados completamente secuenciados: *Delftia acidovorans* y *Delftia* sp. Cs1-4. Se analizaron los “reads” en busca de los de mejor calidad mediante la utilización del programa fastQC. El ensamblado se realizó mediante el programa SPADES, se juntaron los *contigs* del ensamblado mediante el programa ABACAS, tomando como referencia a las *Delftias* ya secuenciadas. Se identificaron las proteínas putativas a través del programa *online* RAST y mediante el programa ANI se calculó el promedio de identidad nucleotídica entre las secuencias. Se realizó la reconstrucción filogenética mediante el programa PHYML a partir de las secuencias de los ARNr, 16S y de las proteínas ribosomales. *Delftia* sp. JD2 presentó un genoma de tamaño de 6765786 pb, un total de 6051 genes de los cuáles 597 no se encuentran en las otras dos *Delftias*, estando algunos de estos genes involucrados en la resistencia a metales pesados. No se encontró ningún rearrreglo genómico entre *Delftia* sp. JD2 con respecto a los otros dos organismos. Presenta en promedio una identidad nucleotídica del 98%  $\pm$  2,14% en relación a las dos organismos ya mencionados. Se discute un análisis primario del uso de codones sinónimos en las tres especies.

## AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE UNA CEPA DEL HONGO ENTOMOPATÓGENO *Beauveria* NATIVA DE MISIONES

Bich GA, ML Castrillo, PL Zini, FL Kramer, LL Villalba, PD Zapata. Laboratorio de Biotecnología Molecular. Instituto de Biotecnología Misiones-InBioMis. Posadas, Misiones. e-mail: biotecmol2010@gmail.com

La utilización de caracteres morfológicos para la identificación de cepas fúngicas es una herramienta sumamente importante pero, para llegar a una identificación de especies de manera certera y completa, son complementados mediante la utilización de herramientas moleculares. El objetivo del presente trabajo fue aislar e identificar morfológica y molecularmente una cepa del hongo entomopatígeno *Beauveria* nativa de Misiones. A partir de muestras de suelos, se realizaron diluciones seriadas y se sembraron en placas de Petri conteniendo agar papa dextrosa como medio de cultivo. Fueron incubadas a 28° C por 7 días. Luego se realizó la caracterización morfológica de las mismas. Una vez identificada a nivel de género y especie, se procedió al aislamiento de ácidos nucleicos para su corroboración molecular. A partir del material genético extraído, se logró amplificar y secuenciar la región ITS1-5,8S-ITS2 mediante la utilización de cebadores universales ITS 1 e ITS 4. Una vez obtenida la región de interés, se contrastó la información obtenida con la existente en las bases de datos, mediante la herramienta Blast (*Basic Local Alignment Search Tool*) del NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) y la herramienta *Pairwise sequence alignment* del *Fungal barcoding* disponibles *on line*. Se seleccionaron aquellas secuencias con mayor porcentaje de similitud, y se analizaron filogenéticamente tanto por el programa *Geneius* 3.6.1, como por *Mega* 5.1. Fue posible corroborar, por métodos moleculares, que la cepa aislada e identificada morfológicamente correspondía a *Beauveria bassiana*.

## POSIBLE ORIGEN POLIPLOIDE DE *Daucus montanus* Y FILOGENIA DE *Daucus Y Agrocharis* BASADOS EN ITS

Ibañez MS<sup>1,2,5</sup>, EL Camadro<sup>1,5</sup>, R Masuelli<sup>3,4,5</sup>. <sup>1</sup>EEA Balcarce, INTA-FCA UNMdP. <sup>2</sup>Nidera. <sup>3</sup>INTA La Consulta. <sup>4</sup>FCA UNCuyo. <sup>5</sup>CONICET. e-mail: silvinaibanez@yahoo.com.ar

*Daucus montanus* es un especie poliploide ( $2n=6x=66$ ), emparentada con la zanahoria cultivada diploide, *D. carota* ( $2n=2x=18$ ), cuyo origen poliploide se desconoce. En el presente estudio se obtuvieron tres diferentes secuencias quiméricas de ADN ribosómico que comprenden dos regiones no codificantes, espaciadores internos transcritos (*ITS1* e *ITS2*), y la región codificante entre ellos (región 5.8S). Las secuencias se obtuvieron a partir de un genotipo de *D. montanus* utilizando las metodologías de clonado y secuenciación. El análisis reveló dos tipos de secuencias de la región *ITS1*, dos tipos de la región 5.8S, y un tipo de la región *ITS2*. Estas secuencias quiméricas indicarían un posible origen aloploide de la especie. A su vez, y en base a datos de secuencias combinadas de *ITS1* e *ITS2* obtenidas del Genbank, se realizó la estimación de distancias de a pares y el análisis filogenético de 32 introducciones de diferentes especies de *Daucus* e introducciones del género *Agrocharis*, ya que estos dos géneros son los únicos con especies poliploide dentro de las Apiaceae. Los resultados de ambos análisis dieron sustento a la estrecha relación y distancias genéticas entre las especies poliploides de *Daucus*, *D. montanus* y *D. glochidiatus*, y las especies poliploides de *Agrocharis*.

## IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DEL CICLOTÍDEOS EN REPRESENTANTES DE LA FAMILIA POACEAE

Silva-Lima SCB, B Piereck, JP Bezerra-Neto, SSA Araujo, AM Benko-Iseppon, V Pandolfi. Universidade Federal de Pernambuco.  
e-mail: sheyla\_bio@hotmail.com

Los ciclotídeos son proteínas de acción antimicrobiana, insecticida, anti-helmíntica, antiviral y anti fúngica que se expresan de forma natural. Contienen de 28 a 37 residuos de aminoácidos, seis son cisteínas conservadas y unidas por tres puentes disulfuro. En este trabajo se buscó la identificación y caracterización de candidatos a ciclotídeos en representantes de la Familia Poaceae. La secuencia ACG47570.1 de *Z. mays*, conteniendo 83 aminoácidos, fue elegida como sonda en el NCBI. La secuencia fue analizada en el banco TIGR a través del tBLASTn, eligiendo como criterio de selección un punto de corte mayor o igual que  $e^{-05}$ . Fueron obtenidas 31 secuencias homólogas, una de la especie *A. stolonifera*, una de *S. bicolor*, ocho de *T. aestivum* y 21 secuencias de *Z. mays*. El BLASTx contrastado con el GenBank permitió la observación funcional de 19 secuencias semejantes a las proteínas hipotéticas, 11 a proteínas sin caracterización y una semejante a los ciclotídeos. Todas las secuencias fueron caracterizadas a través de sus puentes disulfuro, péptido señal y dominios conservados, donde 22 presentaron un patrón similar al de un ciclotídeo. El modelado por homología reveló 45,1% de identidad con el modelo del circulin B (2ERI) y un gráfico de Ramachandran indicó 80% de los residuos en las regiones permitidas, 20% en las altamente permitidas y ningún residuo en las regiones no permitidas. Así concluimos que aunque es escasa la información existente relacionada a los ciclotídeos, fue posible la identificación, caracterización y modelado comparativo, que puede ser utilizado en estudios biotecnológicos.



**GEDU**

COMUNICACIONES LIBRES

# GENÉTICA Y EDUCACIÓN



## INCLUSIÓN DE COMPETENCIAS SOCIALES EN EL CURSADO DE GENÉTICA VETERINARIA

Boris FG, Recce S, Orcellet VM. Facultad de Ciencias Veterinarias. UNL.  
e-mail: fboris@fcv.unl.edu.ar

Genética Veterinaria es una asignatura que se dicta en el tercer año de la carrera Medicina Veterinaria de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la UNL. El contacto y experiencia con otros docentes, permite afirmar que enseñar en Veterinaria contenidos, donde la matemática y la estadística se presentan en un alto porcentaje de los temas, se torna complejo y no pocas veces frustrantes. Diagnosticada tal situación, desde el primer día de cursado los alumnos trabajan en grupos, no más de diez participantes. A cada grupo, se le asigna un tutor, que son alumnos adscriptos de la cátedra. Las Clases se estructuran con una parte expositiva por el docente y otra instancia de resolución de casos. La implementación de esta metodología nos permite observar que los alumnos demuestran menos timidez de relacionarse con sus pares tutores. Asimismo, al tener reuniones periódicas entre el equipo docente y los alumnos adscriptos, se detecta que el motivo principal de dicha timidez se debe a que presentan un conocimiento frágil de años anteriores. A partir de la segunda clase, se les entrega un artículo técnico de relevancia nacional para que elaboren una exposición oral frente a sus compañeros. Los docentes actúan como moderadores. Se concluye, que la inclusión de dichas herramientas pedagógicas-didácticas torna a la asignatura más tangible, aplicable y se favorece el dictado de los contenidos. El trabajo en grupos es un pilar importante para su formación y su futuro desempeño profesional, donde el trabajo grupal o en equipo, es un requisito permanente a la hora de las solicitudes laborales.

## MOTIVAR AL ESTUDIANTE DE MEDICINA VETERINARIA PARA EL ESTUDIO Y CONOCIMIENTO DE LA GENÉTICA

Ronchi F<sup>1</sup>, S Watson<sup>1</sup>, C Gsponer<sup>1</sup>, P Wittouck<sup>1</sup>, A Bonvillani<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria. Universidad Nacional de Río Cuarto.  
e-mail: abonvillani@ayv.unrc.edu.ar

El Médico Veterinario egresado de la UNRC adquiere formación en la clínica, producción animal y salud pública. A tal fin la asignatura Genética General aporta una gran variedad de conocimientos. La resolución de problemas, si bien hace que los estudiantes desarrollen capacidades intelectuales para una mejor comprensión de la disciplina, genera dificultades que desmotivan el estudio y causan deserción (15,4% libres de por faltas en 2010). Con el objetivo de despertar interés por la asignatura y mejorar los índices de deserción y académicos, desde 2011 se implementó la presentación de casos de la práctica profesional clínica y productiva con base genética, que luego fueron seguidos por actividades integradoras. Los resultados se analizaron mediante encuestas y comparación del rendimiento académico de la cohorte 2010 con respecto a los años 2011-2012. De los estudiantes que efectuaron las actividades integradoras (85,3%), el 78% consideró que éstas le permitieron visualizar la aplicación de la genética en la práctica profesional. Además, manifestaron que la práctica integradora fue importante para reforzar conceptos (79,3%) e integrar contenidos (73,5%). El análisis del rendimiento académico mostró un aumento de los índices de regularidad y promoción (57,2% y 6,6%, respectivamente). Se observó una reducción de libres por faltas (4,4%) y de libres por parcial (7,8%). Consideramos que las innovaciones pedagógicas implementadas motivaron y permitieron a los estudiantes valorar la importancia de conocer esta ciencia y su aplicación en la práctica profesional.

## ALGUNAS CONSIDERACIONES EXPRESADAS POR ALUMNOS DE GENÉTICA VETERINARIA SEGÚN SU ÁREA DE INTERÉS

Cattaneo AC<sup>1</sup>, D Leite<sup>1</sup>, A Seoane<sup>1,2</sup>, AG Antonini<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Curso de Genética Veterinaria, IGEVET (UNLP-CONICET), FCV, UNLP. <sup>2</sup>IGEVET (CONICET-UNLP), FCV, UNLP. CONICET.

e-mail: antonini@fev.unlp.edu.ar

Genética Veterinaria es un curso del nuevo plan de estudios de la FCV-UNLP. El objetivo del presente trabajo fue analizar la percepción de los alumnos acerca de su propio desempeño y del de los docentes y su relación con la cohorte a la cual pertenecen y a las áreas de interés. Para ello los alumnos del ciclo 2013 completaron una encuesta, de forma anónima y voluntaria. Los datos obtenidos se estudiaron por análisis discriminante. La comparación entre cohortes para preguntas referidas a su propio desempeño arrojó diferencias significativas al 5%, estas divergencias podrían explicarse por la diferencia de tiempo disponible, motivación y grado de concientización. En cambio la comparación entre alumnos con diferentes áreas de interés para este mismo ítem mostró que no hay relación entre las respuestas y el área de interés. La comparación entre cohortes para preguntas referidas al desempeño del docente no mostró diferencias significativas. Al contrario, la comparación entre áreas de interés para estas preguntas mostró diferencias significativas al 5%: los alumnos que tienen preferencia por el área de Producción consideran que las clases están bien preparadas. Este hecho podría explicarse teniendo en cuenta la motivación intrínseca, dado que como parte de la planificación curricular hemos revalorizado los temas relacionados con producción animal, los alumnos que prefieren estos temas aprecian más las clases. Estos resultados permiten reflexionar sobre la importancia de ponderar los resultados de encuestas valorativas según las características propias de cada estudiante.

## TIPIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE COMPETENCIAS EN LA ENSEÑANZA DE LA GENÉTICA EN BIOLOGÍA EN LA UNRC

Ortiz MI<sup>1</sup>, I Simone<sup>1</sup>, M Pellegrin<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética General, Depto. Cs. Naturales, Fac. Cs. Exactas Fco-Qcas y Nat., UNRC. e-mail: mortiz@exa.unrc.edu.ar

La resolución de problemas es la herramienta didáctica más usada en la enseñanza de la Genética, pero presenta ciertas dificultades: algunas conceptuales (falta de significado, error en la inferencia o asociación incorrecta de los conceptos implicados) y otras relacionadas con las estrategias empleadas por los estudiantes para su resolución. El propósito de este trabajo fue analizar las competencias requeridas en las actividades propuestas para cada contenido desarrollado, con el fin de aplicar estrategias pedagógico-didácticas que mejoren el aprendizaje de la Genética. El instrumento de recolección de datos empleado fue la evaluación escrita. Para cada pregunta se consideró el contenido abarcado, la competencia requerida (conceptualización, comprensión de modelos explicativos y resolución de problemas) y los errores más frecuentes. El análisis de las competencias mostró que los estudiantes pueden definir conceptos, pero presentan dificultad en: analizar situaciones problemáticas, identificar variables, formular hipótesis y elegir un curso de acción creativo. La mayoría de los problemas fueron resueltos mediante la aplicación memorística de fórmulas o manipulación mecánica de los datos. Otros inconvenientes detectados fueron: redacción confusa, faltas ortográficas, escaso uso de lenguaje específico y el desconocimiento del significado de términos de uso cotidiano. Para favorecer el aprendizaje se proponen actividades de estrategias heurísticas que promuevan el razonamiento y que desplacen el aprendizaje memorístico hacia el desarrollo de estrategias cognitivo-lingüísticas.

## APRENDIZAJE DE GENÉTICA MÉDICA A TRAVÉS DE LA EXTENSIÓN UNIVERSITARIA. DOS AÑOS DE EXPERIENCIA

Echeverria MP<sup>1</sup>, J Ramirez<sup>1</sup>, A Mampel<sup>1</sup>, AL Vargas<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, UNCuyo.

e-mail: miecheve@fcm.uncu.edu.ar

La extensión universitaria no solo pretende contribuir a la mejor calidad de vida de la sociedad sino que aporta crecimiento cultural y con ello la propia transformación universitaria. La UNCuyo otorga subsidios a proyectos que vinculen la Universidad con la sociedad a partir del desarrollo académico y científico tecnológico producido a partir de docencia e investigación. Durante 2013 un equipo interdisciplinario formado por docentes, estudiantes y graduados de Cs. Médicas, Económicas, Políticas y Diseño obtuvo el subsidio para el proyecto “Escuela Helen Keller, un espacio para ver”. Su objetivo fue brindar a la escuela el asesoramiento médico que permitiera adecuar el proceso de enseñanza aprendizaje a los 95 alumnos ciegos para que lograran óptimo desarrollo de competencias. Los estudiantes de medicina estudiaron cada caso y organizaron talleres para alumnos de 1° año. Este trabajo generó un proyecto de investigación para estudiantes que evaluó calidad de vida de los alumnos ciegos y sus familias. Los resultados promovieron un nuevo proyecto para 2014 que propone colaborar con la comunidad para mejorar la calidad de vida de sus estudiantes en referencia a inclusión social y bienestar físico. Se ha ampliado y diversificado el grupo de extensionistas y generó un nuevo proyecto de investigación. Más de veinte estudiantes actuaron como multiplicadores difundiendo el trabajo de extensión que tuvo aciertos, debilidades y dificultades y que promovió la formación integral, el trabajo interdisciplinario y el aprendizaje significativo de contenidos de genética y temas relacionados.

## BIOÉTICA Y GENÉTICA: PROMETEO DESENCADENADO

Acosta DB<sup>1</sup>, ML Farace<sup>1</sup>, E Gazza<sup>1</sup>, MH Revaz<sup>1</sup>, WR Bonillo<sup>1</sup>, S Pistorale<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.

e-mail: dianitaacosta3@hotmail.com

La Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires entiende a la ciencia y a la educación como herramientas fundamentales para el desarrollo regional y nacional. En 2013, por iniciativa de la coordinación de la Carrera Licenciatura en Genética, se propone la creación de la asignatura Bioética como materia optativa para los estudiantes de cuarto y quinto año. El objetivo es establecer y discutir cuál es el lugar de la bioética en la formación y la práctica del genetista. Esto exige, por un lado, reconocer el modelo de ciencia que se aplica y, por el otro, llevar a cabo una revisión de la práctica científica dentro del enfoque de enseñanza. Con este propósito, en primer término, se abordará la cuestión desde un enfoque epistemológico a través de la contextualización histórica y problematizadora de las versiones de ciencia tradicional y emergente. Se apunta con ello a una reconstrucción crítica de la concepción hegemónica y su impacto social. A partir de este encuadre se intentará dar respuesta a algunos conflictos éticos característicos del dominio de la Genética. La presentación pretende concluir que la Bioética no se comporta como un tribunal externo respecto de la práctica profesional, sino que debe integrarse a las decisiones que caracterizan la investigación científica. En este sentido resulta relevante la formación de genetistas capaces de evaluar, considerar y reflexionar acerca de la aplicabilidad de sus competencias, generando conciencia respecto del plausible y marcado efecto social de sus innovaciones.

## LA EVALUACIÓN CONTINUA COMO HERRAMIENTA DE VALORACIÓN DEL APRENDIZAJE

Milano MA<sup>1</sup>, FS Pantuso<sup>1</sup>, V Pulido<sup>1</sup>, J Maidana<sup>1</sup>, F Stella<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Licenciatura en Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad de Morón.

e-mail: pantuso@unimoron.edu.ar

La evaluación continua es una actividad sistemática como el mismo Proceso Educativo. Un subsistema integrado dentro del propio sistema de la enseñanza teniendo como misión especial recoger información sobre dicho proceso en su conjunto. La evaluación continua permite observar la evolución de los alumnos a lo largo del proceso de enseñanza-aprendizaje, posibilitando acciones correctoras. El objetivo del presente trabajo es proponer el uso de la Evaluación Continua como Herramienta para Incrementar la Motivación por el Aprendizaje. Se realizó una encuesta a 90 alumnos de la asignatura Genética General de la Universidad de Morón, correspondiente a los cursos dictados durante los ciclos académicos 2013/14, que consistió en preguntas abiertas y de respuesta múltiple. Como resultado de la misma, se obtuvo que el 96,43% de los alumnos calificó como muy buena y buena la variable de la evaluación continua dentro del proceso de enseñanza aprendizaje y cuando se consultó sobre la variable de la utilidad de esta metodología para llevar al día la materia, al 100% de los alumnos les resultó una herramienta necesaria y satisfactoria. Como desventaja se destacaron la superposición con otras evaluaciones y falta de tiempo suficiente para una correcta preparación al momento de rendir. En función de los resultados obtenidos consideramos que la Evaluación Continua favorece el proceso de enseñanza-aprendizaje ya que posibilita tanto al estudiante como al docente, valorar y enriquecer dicho proceso.

## DESARROLLO DE UN MANUAL PARA AGENTES SANITARIOS

Teiber ML<sup>1</sup>, E Santoianni<sup>2</sup>, MP Bidondo<sup>3</sup>, JA Garrido<sup>1</sup>, FM Masllorens<sup>4</sup>, P Kaminker<sup>1</sup>, A Luna<sup>2</sup>, J Dipierri<sup>4</sup>, S Zurita<sup>5</sup>, R Herrera<sup>5</sup>, A Monachesi<sup>6</sup>, N Crudi<sup>6</sup>, C Barreiro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>S.A.P. <sup>2</sup>Hospital J.P. Garran. <sup>3</sup>CENAGEM. <sup>4</sup>Hospital Quintana. <sup>5</sup>F.E.S.P. <sup>6</sup>Fundación Garrahan.

e-mail: luzteiber@hotmail.com

Durante el período 2010-2012, se implementó en diferentes provincias del país un proyecto de capacitación en Genética para la Atención Primaria, que incluyó a todos los miembros del equipo de salud en cuanto a medidas de detección y prevención de Defectos Congénitos. El objetivo fue desarrollar un manual con material didáctico que le permitiera al agente sanitario, en sus visitas, explicar gráficamente medidas de prevención primaria de defectos congénitos y medidas de prevención secundaria a las familias con un familiar afectado. Para ello, se confeccionó un manual que en el reverso (cara que ve el agente sanitario) se muestra la manera de implementar medidas de prevención primaria de Defectos Congénitos y en el anverso (cara de la hoja dirigida a la familia entrevistada), se muestran imágenes que ilustran lo que se quiere transmitir. Para algunas familias la llegada de los Agentes Sanitarios es prácticamente el único contacto con el sistema de salud, por lo tanto consideramos muy importante la posibilidad de que los agentes cuenten con material que explique en forma simple cómo poder realizar medidas de prevención de algunos defectos congénitos. Por otra parte el manual permitirá suministrar información de genética básica y sobre factores ambientales a los pacientes y las familias para ayudar a su comprensión y la toma de decisiones (asesoramiento genético).

## GENÉTICA Y ARTE EN LA ESCUELA: APRENDIENDO A PREVENIR

Masllorens F<sup>1,3</sup>, E Santoianni<sup>2</sup>, ML Teiber<sup>3</sup>, MP Bidondo<sup>4</sup>, P Kaminker<sup>3</sup>, A Luna<sup>2</sup>, N Crudi<sup>5</sup>, C Barreiro<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Hospital Nac. P.A. Posadas. <sup>2</sup>Hospital Nac. J.P. Garrahan. <sup>3</sup>Sociedad Argentina de Pediatría. <sup>4</sup>CENAGEM. <sup>5</sup>Fundación Garrahan.

e-mail: franmasllorens@yahoo.com.ar

Desde el año 2009, dentro del marco del proyecto de capacitación genética para la Atención primaria de la salud, se decidió hacer extensiva la transmisión de información sobre la prevención de los defectos congénitos en escuelas. El objetivo fue enseñar a niños en edad escolar sobre cuáles son los factores de riesgo que pueden provocar el nacimiento de una persona con defectos congénitos y que pautas de cuidado son importantes en la prevención de los mismos. De esta manera, ser parte de una cadena de difusión de la información dentro de sus familias y dentro de la comunidad. Se trabajó en escuelas primarias y secundarias de las provincias de Neuquén, Chaco y Jujuy. Se realizaron Jornadas de medio día, a cargo de un médico genetista y un profesor de arte. A través de la utilización de consignas dadas por el profesor de arte se aplicaron técnicas de dibujo y pintura que permitieron que los alumnos expresen lo aprendido. Se diseñó material gráfico en formato de manual Genética en la Escuela. La transmisión de información médica suele ser compleja y poco accesible para la comunidad general y los niños en edad escolar. Este tipo de intervención en la edad preadolescente, permite brindar conocimientos sobre factores de riesgo para defectos congénitos a un grupo etario ávido por recibir información y por transmitirla a su entorno. Por otro lado se encuentran en una etapa previa a la edad reproductiva donde establecer pautas de cuidado es de suma importancia.

## ESTRATEGIAS PEDIÁTRICAS PARA DISMINUIR EL IMPACTO EN MORBIMORTALIDAD POR ANOMALÍAS CONGÉNITAS (AC)

Barreiro C<sup>1</sup>, F Masllorens<sup>1</sup>, ML Teiber<sup>1</sup>, E Santoianni<sup>2</sup>, A Luna<sup>2</sup>, P Kaminker<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Sociedad Argentina de Pediatría. <sup>2</sup>Hospital J.P. Garrahan. e-mail: czbarreiro@gmail.com

En la Argentina, del número de nacidos vivos de 738.318, al menos 22.150 tendrán AC y 2057 de ellos fallecerán antes del año de vida. Las AC representan la 2º causa de muerte en menores de un año y hasta 5 años de edad. Responden en un amplio porcentaje a causas genéticas. El pediatra, contando con la formación adecuada, puede ofrecer atención a niños con AC a través de su detección, diagnóstico de complicaciones y discapacidades, indicación de tratamiento y derivación oportuna en caso de ser necesario. Pero sobre todo, puede intervenir llevando a cabo medidas de prevención. La prevención es sin duda, la medida de mayor importancia para disminuir el impacto de las AC en la morbilidad infantil. Objetivos: Disminuir el impacto de la morbilidad infantil determinada por AC. Promover en el pediatra vinculado a las filiales de la Sociedad Argentina de Pediatría la adquisición y desarrollo de competencias en Conceptos básicos de conocimiento acerca de los principales mecanismos de producción de las AC. Proporcionar asesoramiento familiar a pacientes con AC. Promover la difusión de las competencias adquiridas a los integrantes del equipo de salud determinando así un efecto multiplicador de los objetivos del proyecto. Se realizan jornadas de capacitación para profesionales, con clases teóricas y presentación de casos clínicos, donde aprenden a reconocer factores de riesgo y dismorfias. La educación como herramienta genera los primeros pasos para el cambio socio-sanitario en las provincias involucradas.

## CONOCIMIENTOS PREVIOS DE ALUMNOS CURSANTES Y RECURSANTES EN GENÉTICA, AGRONOMÍA, U.N. RÍO CUARTO

Castillo E<sup>1</sup>, G Carena<sup>1</sup>, D Vega<sup>1</sup>, A Carrera<sup>1</sup>, E Grassi<sup>1</sup>, H di Santo<sup>1</sup>, A Ferreira<sup>1</sup>, V Ferreira<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.

e-mail: ecastillo@ayv.unrc.edu.ar

Las correlatividades presuponen la importancia de los conocimientos previos a la asignatura a cursar. Estudios anteriores demostraron que cuando estos son insuficientes afectan negativamente el rendimiento académico. Por otro lado, puede suponerse que los alumnos recursantes cuentan con alguna ventaja frente a los que cursan por primera vez. En Genética de Ingeniería Agronómica, UN Río Cuarto, se efectúa una prueba diagnóstica para conocer la situación al inicio del cursado. Esta incluye conocimientos sobre ácidos nucleicos, pro y eucariontes, proporciones, probabilidades, pruebas estadísticas y tipos de caracteres. En 2014 participaron 165 alumnos (82 recursantes y 83 cursantes). Bajo la hipótesis de que los conocimientos previos influyen diferencialmente entre recursantes y cursantes, se compararon las respuestas diagnósticas de los dos grupos mediante pruebas t. El puntaje medio fue de 48,8%; las diferencias fueron no significativas entre recursantes y cursantes (47,7%; RV=22,1%-80% vs. 49,9%; RV=23,9%-89,3%). Tampoco se registraron diferencias al analizar los conceptos de Biología y Estadística por separado. El análisis por inciso reveló que los recursantes respondieron mejor al clasificar caracteres cualitativos y cuantitativos ( $p=0,0177$ ), pero tuvieron más problema para expresar sus conocimientos de Biología a través de redes conceptuales ( $p=0,0171$ ) y en interpretar problemas de probabilidad condicional ( $p=0,0067$ ). La proporción de recursantes y la escasa incidencia de los conocimientos adquiridos por ellos permiten refutar la hipótesis propuesta.

## EVALUACIÓN DE ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA EN GENÉTICA: COLOQUIOS Y LABORATORIOS

Carra GT<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNaM. e-mail: giulianacarraz5@gmail.com

Se plantea como objetivo principal: “Evaluar la articulación entre Teoría, Trabajos Prácticos y Coloquios en las asignaturas del Plan de Estudio de la Licenciatura en Genética de la UNaM. Se realizaron encuestas anónimas a alumnos de 1° a 4° año y se analizó cómo consideran el uso de estas actividades como complemento en la enseñanza de los docentes en las asignaturas de la carrera. Los resultados fueron divididos en 5 categorías: Excelente (E), Muy Bueno (MB), Bueno (B), Regular (R) o Malo (M) y representados en un gráfico que expresa los datos obtenidos. De un total de 111 encuestas a alumnos asistentes a clases, el 11,71% (13/111) consideró que estas estrategias son un método excelente, mientras que el 9,91% (11/111) la consideró Muy Buena. Por otra parte, el 47,75% (53/111) la consideró buena, el 27,03% (30/111) regular y el 3,60% (4/111) mala. En los casos en las que fueron consideradas malas, se solicitó a los alumnos que justifiquen su elección. El porcentaje que no está de acuerdo con esta metodología acusó que falta integración entre los módulos teóricos y prácticos, coordinación entre los docentes encargados de ambas áreas, que los recursos utilizados están desactualizados o son muy tradicionales dejando a suerte del alumno el entendimiento o no de los temas. Como conclusión puede decirse que, si bien, la mayoría de los alumnos considera a estas partes una buena estrategia, es importante hacer hincapié en aquellos que la consideraron regular o mala, ya que podría demostrar una exigencia por parte de los alumnos en una mejor articulación de todas las áreas.

## GEDU 13

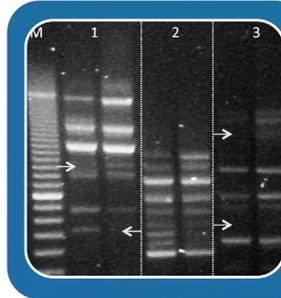
**PASADO Y PRESENTE DEL LICENCIADO EN GENÉTICA DE LA UNIVERSIDAD DE MORÓN: CONOCER PARA MEJORAR EL FUTURO**

Cerliani MB<sup>1,2</sup>, DI Cianfrini<sup>1,3</sup>, MO Jacobsen<sup>1,4,5</sup>. <sup>1</sup>Universidad de Morón. <sup>2</sup>IMBICE (Instituto Multidisciplinario de Biología Celular). <sup>3</sup>Tecnovax S.A. <sup>4</sup>INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria). <sup>5</sup>UBA (Universidad de Buenos Aires).

e-mail: genetica.molecular.793@gmail.com

Desde el 2000, la Universidad de Morón (UM) ofrece la carrera Licenciatura en Genética, constituyendo una de las tres casas de estudios del país (junto con la UNAM y la UNNOBA) donde puede estudiarse esta profesión. La UM es de carácter privado, y al igual que en las dos universidades públicas, la carrera abarca 5 años de cursado y un trabajo de tesis final. Con el objetivo de elaborar un perfil del egresado que incluya aspectos académicos, personales y profesionales, se invitó a los mismos a completar una encuesta *on line*. Los ex alumnos fueron contactados a través de sus correos electrónicos, y convocados a participar de forma libre y anónima. La encuesta constó de 28 preguntas y fue desarrollada en la plataforma de formularios de *Google Drive*. Al momento del envío de este resumen, se habían recibido 36 respuestas de un total de 103 graduados. Entre los resultados más relevantes, se destaca que el 86% de los encuestados eligió la carrera por vocación, y el 14% restante por las buenas expectativas profesionales. El 83% de los participantes realizó alguna actividad laboral durante su carrera, y el 40% de ellos trabajaban en áreas no relacionadas a la biología. El 41% encontró lugar para realizar la tesina a través de un docente de la facultad, siendo el INTA la institución que recibió al 53% de ellos. En promedio, los egresados desarrollaron su tesina en 18 meses, con una dedicación horaria de 21 horas/semana o más en el 56% de los casos. Actualmente, 30% de los encuestados son empleados en laboratorios públicos/privados, 26% son becarios de posgrado y un 17% docentes.





GGM

COMUNICACIONES LIBRES

# GENÓMICA Y GENÉTICA MOLECULAR



## ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE GENOMAS DE INSECTOS Y LA EVOLUCIÓN DE LOS ELEMENTOS REGULATORIOS

Barbero A<sup>1</sup>, N Riva<sup>1</sup>, A Gorga<sup>1</sup>, C Molina<sup>1</sup>, E Gazza<sup>1</sup>, L Farace<sup>1</sup>, M Estermann<sup>1</sup>, N Pretini<sup>1</sup>, A Nazar<sup>1</sup>, D Vitale<sup>1</sup>, D Acosta<sup>1</sup>, N Bonadeo<sup>1</sup>, P Cerchi<sup>1</sup>, S Palma<sup>1</sup>, R Rivera Pomar<sup>1,2</sup>, A Lavore<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), <sup>2</sup>Centro de Bio-Investigaciones (UNNOBA).

e-mail: vitaledai@gmail.com

Uno de los grandes desafíos en la interpretación de los genomas es entender la codificación temporal y espacial de la información de la expresión génica. Uno de los primeros pasos para estudiar estos procesos es identificar regiones regulatorias. En eucariotas, esta información se organiza de forma modular en *enhancers*, donde se encuentran agrupados los sitios de reconocimiento de múltiples factores de transcripción. El organismo mejor conocido con demostración experimental de los *enhancers* es *D. Melanogaster*. A partir de la información genómica disponible de cuatro especies de insectos, *D. melanogaster*, *Tribolium castaneum*, *Oncopeltus fasciatus* y *Rhodnius prolixus*, se definieron como modelos genes involucrados en la segmentación embrionaria de los que se posee información experimental a partir de estudios en *D. melanogaster* (Krüppel, giant, hunchback, knirps, tailless, engrailed y even skipped). Los genes fueron identificados por BLAST en los genomas disponibles y en las secuencias *upstream* al origen de transcripción fueron definidas las potenciales regiones regulatorias. El análisis se llevó a cabo usando el Software PATSER para la búsqueda de los sitios de unión para factores de transcripción y el software STUBB para el análisis de *clustering*. Esto permitió identificar potenciales regiones regulatorias para cada uno de los genes, observando que en algunos casos estos dominios se encuentran conservados tanto en la posición relativa al inicio de la transcripción como en el entramado de sitios de unión para factores de transcripción en las diferentes especies analizadas.

## DETECCIÓN DE AFRICANIZACIÓN EN *Apis mellifera* EN LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Genchi García ML<sup>1</sup>, G Barbisán<sup>1</sup>, AR Guardia López<sup>2</sup>, M Bacci<sup>3</sup>, CD Golijow<sup>1</sup>, FJ Reynaldi<sup>4,5</sup>. <sup>1</sup>IGEVET (Instituto de Genética Veterinaria) FCV UNLP- CONICET, <sup>2</sup>Laboratorio Central de Sanidad Apícola Ministerio de Asuntos Agrarios Peia de Buenos Aires, <sup>3</sup>Servicio Nacional de Sanidad Animal (SENASA), <sup>4</sup>Cátedra de Virología. Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Veterinarias. UNLP, <sup>5</sup>CCT-CONICET La Plata.

e-mail: ml.genchigarca@gmail.com

En el marco del proyecto “Dinámicas territoriales y formulación de lineamientos estratégicos para la inversión en Infraestructura: Zonificación y Promoción del sector Apícola en la Provincia de Buenos Aires” (Consejo Federal de Inversiones y Ministerio de Asuntos Agrarios BsAs, 2013–2014) se propuso llevar a cabo el estudio a nivel genético de muestras de abejas a partir de la aplicación de métodos basados en la variabilidad genética de las poblaciones. El objetivo fue detectar la presencia de introgresión de genes africanos en colonias de *Apis mellifera* provenientes de colmenares situados en la provincia de Buenos Aires. Las muestras se analizaron a partir del estudio de la región del DNA mitocondrial perteneciente al citocromo b por técnicas de PCR-RFLP. En total se procesaron 430 muestras. En todos los casos se extrajo el DNA de cada muestra con DNazol y se amplificó por PCR. Luego se realizó un corte en la secuencia amplificada con la enzima de restricción BglII. Esta enzima permitió diferenciar los haplotipos africanizados de los no africanizados a partir de la distinción de un patrón de bandas observado en un gel de electroforesis. Sólo se detectó africanización en el 4% de los casos, mientras que el resto de las muestras no han exhibido genotipos africanizados. Estos resultados permitieron detectar colmenares con abejas que presentaron introgresión de genes africanos, estos colmenares serán sujetos a un plan de contingencia con el fin de eliminar y/o controlar la dispersión de estos genotipos en la Provincia de Buenos Aires.

## FACING *Polybia paulista* (HYMENOPTERA; VESPIDAE) VENOM ALLERGY: FROM NATURAL TO RECOMBINANT ALLERGENS

Pérez-Riverol A<sup>1</sup>, DL Justo Jacomini<sup>1</sup>, SM Gomes Moreira<sup>2</sup>, RL Zollner<sup>3</sup>, I Ferrero Ratti<sup>4</sup>, FD Campos Pereira<sup>5</sup>, MR Brochetto Braga<sup>6</sup>.  
<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Molecular de Artrópodes. Instituto de Biociências, UNESP, Rio Claro, SP, Brazil. <sup>2</sup>Centro de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Norte. Candelária, Natal, RN, Brazil. <sup>3</sup>Laboratório de Imunologia e Alergia Experimental-LIAE, Faculdade de Ciências Médicas, UNICAMP, SP, Brazil. <sup>4</sup>Universidad Nacional del Litoral (UNL) Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas (FBCB). Santa Fe, Argentina. <sup>5</sup>Laboratório de Mutagêneses Ambiental. Instituto de Biociências. UNESP, Rio Claro, SP, Brazil. <sup>6</sup>Centro de Estudos de Venenos e Animais Peçonhentos-CEVAP, UNESP. Botucatu, SP, Brazil.  
 e-mail: aperezriverol@gmail.com

*Polybia paulista* (Hymenoptera: Vespidae) is a one of most abundant social wasp on Sao Paulo, Brazil. Accidents by stings are common and cause immunologic reactions that in allergic patients can lead to dead. To date, there are no commercial allergenic extracts or components available in Brazil to diagnosis and treatment venom allergy from social wasp, despite of the great number of existing species. Specific immunotherapy (SIT) and diagnostic has been made by using crude and commercial venom extracts or purified natural allergens from species of Northern Hemisphere. These are inadequate practices since they are related to the occurrence of cross reactivity that in many cases prevent the proper identification of the specie that causes the allergy. In the other hand, thousands of insects along with a highly expensive and complicated process of purification are required to obtain standardized natural allergens from social hymenoptera venom. Recombinant allergens have proved to be an interesting alternative to achieved STI and to diagnosis of allergy caused not only for by Hymenoptera insects but also, other kinds of allergens. In this work we described the methodology currently used in our lab to obtain the recombinant forms of the major allergens from *Polybia paulista* venom. The recombinant allergens have proved to recognize IgE from allergic patients and also to be useful for the specific diagnostic of allergy to *Polybia paulista* venom. These results come to contribute to the improvement of methodologies for STI and diagnostic of Hymenoptera venom allergy used in Brazil.

## GLI2 EN EL DESARROLLO DE LA CRESTA NEURAL DEL EMBRIÓN DE *Xenopus laevis*

Palacio MB<sup>1</sup>, S Cerrizuela<sup>1</sup>, MJ Aybar<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>INSIBIO (CONICET-UNT), San Miguel de Tucumán, Argentina, <sup>2</sup>Instituto de Biología, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, UNT, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.  
 e-mail: mjaybar@fbqf.unt.edu.ar, e-mail: palaciomb@hotmail.com

La cresta neural (CN) es una población celular multipotente y migratoria exclusiva de los vertebrados. Estas células dan lugar a una gran variedad de tipos celulares como cartílago, hueso, células endócrinas, melanocitos y neuronas, entre otros. Este potencial de diferenciación y la capacidad de autorenovación, dan a estas células características de células troncales. La vía de señalización Indian Hedgehog tiene un rol clave en la formación, migración y mantenimiento de la cresta neural en *Xenopus*. En nuestro laboratorio se estableció el patrón de expresión del gen *gli2*, en la cresta neural prospectiva. En el presente trabajo, con el objeto de analizar la función de este gen, se diseñó y construyó un vector de expresión conformado por el promotor del gen *snail2* ( $\alpha 3000$ ), un gen expresado en la CN, para dirigir la expresión del gen *gli2*. La sobreexpresión de  $\alpha 3000$ -*gli2* disminuye el territorio de cresta neural. Cuando el constructo fue co-inyectado con un oligonucleótido tipo morfolino, específico para *gli2* que bloquea su expresión endógena,  $\alpha 3000$ -*gli2* fue capaz de restaurar la inducción de la cresta neural, indicando que este gen resulta esencial para la inducción de la CN. Se realizaron además experimentos para evaluar la relación epistática entre los genes *gli2* y *gli3*. Los resultados mostraron que  $\alpha 3000$ -*gli2* permite el control espacio-temporal de la sobreexpresión directamente en el territorio de la CN a partir del momento que las señales inductoras activan al promotor, y destacan la importancia del gen *gli2* en la inducción y especificación inicial del territorio de CN.

## CARACTERIZACIÓN DEL GEN WDR68 EN EL DESARROLLO TEMPRANO DE *Xenopus laevis*

Bonano M<sup>1,3</sup>, E Martín<sup>1,2</sup>, MM Moreno Ruiz Holgado<sup>1,2</sup>, G Ruiz de Bigliardo<sup>1,2</sup>, MJ Aybar<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Naturales e IML- Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, Tucumán, Argentina, <sup>2</sup>Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, Tucumán, Argentina, <sup>3</sup>Instituto de Biología, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia - Universidad Nacional de Tucumán. Chacabuco 461, Tucumán, Argentina.  
e-mail: mbonano@fbqf.unt.edu.ar

El estudio de los genes que se activan durante los estadios embrionarios contribuye al conocimiento de los procesos moleculares que guían las primeras etapas del desarrollo. *Xenopus laevis* es un organismo modelo que ofrece importantes ventajas para dilucidar las vías de señalización involucradas en procesos del desarrollo. El gen *wdr68* aparece como relevante por la presencia de homólogos en numerosos taxones eucariotas. Codifica una proteína que lleva a cabo funciones diversas como producción de antocianina en vegetales y regulación del desarrollo craneofacial en pez cebra. En este trabajo identificamos una secuencia de ADNc de *wdr68* en *X. laevis*. Estudios bioinformáticos demuestran que la secuencia aminoacídica codificada por este gen presenta una alta homología con las correspondientes en otros vertebrados. La sintenia señala que en la evolución se ha conservado la región cromosómica conteniendo al locus *wdr68* y a sus genes flanqueantes. Por técnicas de RT-PCR e hibridación in situ, definimos el patrón de expresión temporal y espacial de *wdr68* en este anfibio. Este gen se detecta desde las etapas más tempranas, primeramente con una localización ubicua, restringiéndose luego al ectodermo dorsal. A medida que avanza la neurulación, *wdr68* se expresa en la cresta neural migratoria y más tarde en el extremo cefálico y los arcos branquiales. Cabe destacar que gran parte de la cabeza de los vertebrados deriva de cresta neural, por ello identificar los genes que guían su desarrollo es crucial para comprender los procesos patológicos que implican a esta población celular.

## ANÁLISIS FILOGENÉTICOS DE POBLACIONES DE *Ancistrus sp.* (LORICARIIDAE) DE LA CUENCA DEL RIO PARAGUAY

Borba RS<sup>1</sup>, S Mariotto<sup>2</sup>, L Centofante<sup>3</sup>, D Ferreira<sup>4</sup>, CH Zawadzki<sup>5</sup>, PP Parise-Maltempi<sup>6</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biociências, UNESP Universidade Estadual Paulista, Campus de Rio Claro, SP, Brasil, <sup>2</sup>Instituto Federal de Ciências e Tecnologia do Mato Grosso, Cuiabá, MT, Brasil, <sup>3</sup>Instituto de Biociências, UFMT Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT, Brasil, <sup>4</sup>Instituto de Biociências, UFMT Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT, Brasil, <sup>5</sup>Departamento de Biología, NUPELIA, UEM, Maringá, PR, <sup>6</sup>Instituto de Biociências, UNESP Universidade Estadual Paulista, Campus de Rio Claro, SP, Brasil.  
e-mail: rafasborba@hotmail.com

Datos citogenéticos han ayudado a discriminar y aislar algunas poblaciones de *Ancistrus* de la cuenca del río Paraguay, pero las relaciones entre las especies del género en esta región permanecen oscuras. El presente trabajo apunta a establecer relaciones filogenéticas y estimar las distancias genéticas, utilizando secuencias de DNA mitocondrial, entre nueve poblaciones de *Ancistrus sp.* de la cuenca del río Paraguay y comparar los resultados con los datos citogenéticos existentes. Fueron analizadas secuencias del gen ATPase (6/8) de 32 individuos, la alineación fue conducida en el programa BioEdit y el análisis filogenético y la distancia genética se llevaron a cabo en el programa MEGA 5.0. El secuenciamiento generó 896pb con 626pb conservados y 270pb variables. La topología generada mostró una subdivisión con nueve clados (A-I), los cuales mostraron el aislamiento de las poblaciones que vinculan claramente la ciudad para el número diploide de los individuos. La distancia p dentro de los clados presentó valores inferiores a 1%, lo que indica que cada uno de los clados comprende una sola especie de *Ancistrus*, mientras que el porcentaje de las distancias observadas entre los siete grupos mostraron valores generalmente mayores que 7%. Nuestros resultados muestran que los caracteres del genoma mitocondrial son buenos marcadores para distinguir y aislar las poblaciones analizadas a nivel de especies y corroboran los datos cromosómicos observados anteriormente, donde el número diploide y algunas características del cariotipo actúan como marcadores para las poblaciones analizadas.

## rRNA 16S PARA DISCRIMINAR ESPECIES DE HAEMULIDAE (PERCIFORMES) DEL ATLÁNTICO OCCIDENTAL

Gomes G<sup>1</sup>, R Silva<sup>1</sup>, I Veneza<sup>1</sup>, H Schneider<sup>1</sup>, I Sampaio<sup>1</sup>, G Gomes<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Laboratorio de Genética Aplicada. Instituto de Estudios Costeros. Universidad Federal del Pará - Bragança - Pará Brasil.  
 e-mail: gabriellegomes@outlook.com.br

La familia Haemulidae tiene una alta diversidad y es distribuida en el Atlántico, Índico y Pacífico. Comprende alrededor de 147 especies, 17 géneros y 2 subfamilias. En Brasil hay cerca de 25 especies, algunas con gran importancia económica en el país, observadas en las estadísticas de la pesca extractiva marina. A pesar de su relevancia en los escenarios bioecológico y la pesca, se han realizado pocos estudios sobre genética forense y protocolos de autenticación molecular. Por lo tanto, este estudio examinó la eficacia de la gen mitocondrial 16S rRNA de discriminar especies del grupo. Recopilamos 17 muestras sin identificación de Haemulidae a lo largo de la costa del Brasil y obtuvo un fragmento de 536 pb del gen 16S. Fue generado árbol de Agrupación de Vecinos con Lutjanidae y Sciaenidae como grupo externo y secuencias de Haemulidae del *GenBank* (*Conodon nobilis*, *Haemulon plumieri* y *H. parra*) para ayudar a identificar las muestras. El árbol mostró con gran apoyo estadístico la presencia de tres grupos: Lutjanidae, Sciaenidae y Haemulidae. Nuestras muestras se agruparon en clado Haemulidae, lo que confirma la selección y había la presencia de cinco especies en los clados bien soportados, dos pudieron ser identificados: *Conodon nobilis* y *H. Parra*. Esto demuestra que el 16S como barcode es muy eficaz y que la identificación de todos los taxones no fue posible porque no hay representantes en *GenBank*. Los niveles de divergencia genética entre los grupos corroboran el estándar de separación en el árbol. Nuevos gens se pondrá a prueba para futura autenticación del grupo

## SEXADO DE FÉLIDOS DE LA SELVA PARANAENSE MEDIANTE TÉCNICAS INDIRECTAS

Schneider RG<sup>2</sup>, CF Argüelles<sup>2</sup>, KE DeMatteo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biología - Universidad de Washington St. Louis EE.UU., <sup>2</sup>Laboratorio GIGA, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales Instituto de Biología Subtropical-Nodo Posadas- (UNAM-CONICET), Misiones.  
 e-mail: rosiogabrielasch@hotmail.com

Las técnicas indirectas de sexado de mamíferos son las herramientas de elección cuando la captura física del animal o mediante cámaras trampa es difícil, pero es factible contar con rastros, pelos o heces, que documentan su presencia. El objetivo del presente trabajo fue determinar la distribución y proporción de sexos en poblaciones naturales de yagüaré (*Panthera onca*), puma (*Puma concolor*), gato onza (*Leopardus pardalis*) y tirica (*Leopardus tigrinus*) en diferentes zonas de la Selva Paranaense de la Provincia de Misiones. Se analizaron regiones de los genes Zinc finger (*Y-linked Zinc finger protein*) y Amelogenina determinándose el tamaño de los fragmentos por secuenciación capilar en 175 muestras de ADN obtenidas a partir de las heces de dichos felinos, recolectadas con la ayuda de un perro detector entrenado para identificar estas especies. Mediante la combinación de ambos análisis se identificó el sexo en 159 de las 175 muestras (91%). Estas se agruparon según área de procedencia (Norte, Centro, Oeste). El número suficiente de muestras de tirica permitió un análisis estadístico binomial para probar la existencia de asimetrías en esta especie. Los resultados muestran que la proporción de machos vs hembras (38 machos: 49 hembras) no es significativa (test binomial 1macho:1hembra,  $p=0.284$ ) determinándose además que no existen diferencias significativas en la zona norte ( $p=0.70$ ), centro ( $p=1.00$ ) y sur ( $p=0.07$ ), concluyéndose que no existe asimetría en la distribución de sexos de tirica y que en la actualidad la especie se encuentra en equilibrio ecológico.

## ANÁLISIS MEDIANTE QPCR DE UN REARREGLO EN EL CROMOSOMA BOVINO 29 QUE CONTIENE AL GEN CAPN1

Motter MM<sup>1</sup>, PM Corva<sup>2</sup>, V Bayer<sup>1</sup>, LA Soria LA<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética. Facultad de Ciencias Veterinarias. UBA, <sup>2</sup>Unidad Integrada Balcarce (EEA-INTA/ Fac. Cs. Agrarias, UNMDP).

e-mail: lsoria@fvet.uba.ar

El objetivo del trabajo fue analizar una región del cromosoma bovino 29 (BTA29), que contiene genes vinculados a crecimiento, eficiencia y terneza de la carne, la cual podría presentar un rearrreglo estructural. Al analizar un marcador de terneza (CAPN1 316) del gen de la subunidad mayor de la  $\mu$ -calpaína (CAPN1) mediante PCR-RFLP con *BtgI*, se halló un patrón de restricción anormal en 3 toros y 4 novillos de dos razas bovinas para carne, en los cuales posteriormente se identificaron cuatro haplotipos distintos por clonación y secuenciación del fragmento amplificado (709 pb). Este resultado sería compatible con una variación en el número de copias (CNV, *Copy Number Variation*) del fragmento de referencia. Para evaluar la extensión del mismo se utilizó la cuantificación relativa mediante qPCR por el método del  $C_t$  comparativo y el número de copias se estimó mediante la fórmula  $2^{-ddCt}$ . Se analizaron tres regiones de CAPN1 en animales sospechosos y controles: extremo 5, región central y extremo 3 (44.063.396-44.063.476, 44.069.304-44.069.358 y 44.105.058-44.105.127 de AC\_000186-B. taurus UMD 3.1- respectivamente) utilizando como gen de referencia a BTF3 (*Basic Transcription Factor 3*, BTA20, 8.040.988-8.041.047 de AC\_000177-B. taurus UMD 3.1). Los resultados obtenidos sugieren que dicha región del BTA29 presenta un aumento del número de copias, lo cual justificaría un estudio más profundo para determinar la naturaleza del rearrreglo con el propósito de evaluar posteriormente las implicancias fenotípicas del mismo.

## ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN GENES INMUNES EN UNA POBLACIÓN DE CABALLOS CRIOLLO ARGENTINO

Corbi Botto CM<sup>1,2</sup>, SA Sadaba<sup>1,3</sup>, ME Zappa<sup>1</sup>, P Peral Garcia<sup>1</sup>, S Diaz<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando Noel Dulout", (IGEVEV). Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. CCT La, <sup>2</sup>Becario del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), <sup>3</sup>Becario de la Universidad Nacional de La Plata (UNLP).

e-mail: ccorbi@fcv.unlp.edu.ar

La caracterización de una población es el primer paso en el camino hacia su conservación y utilización. El caballo Criollo es una de las razas referentes de la especie equina en Argentina, y por lo tanto, un patrimonio ganadero local que representa un recurso único en cuanto a la identidad y sistema productivo del país. El objetivo de este trabajo fue analizar una población de caballos Criollo Argentino del norte de Argentina por medio de la caracterización de la variabilidad genética de cuatro marcadores moleculares del tipo SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) localizados en los genes que codifican para las citoquinas IL-12 y TNF- $\alpha$ . Se recolectaron muestras de pelo de 50 caballos de pura raza Criollo Argentino, se extrajo ADN genómico y se utilizó como molde para amplificación por PCR de 3 SNPs en el promotor del gen TNF- $\alpha$ , y 1 SNP ubicado en el exón 6 del gen IL-12. Los SNPs se detectaron por pirosecuenciación y se estimaron frecuencias génicas y genotípicas, equilibrio de Hardy-Weinberg (HWE) y diversidad genética ( $H_e$ ,  $N_a$ ). En IL-12 se detectaron los alelos A y G, mientras que en TNF- $\alpha$  se observaron 5 haplotipos diferentes, entre ellos uno que no había sido reportado hasta el momento en otras razas equinas. Los resultados muestran que la heterocigosis esperada fue superior en TNF- $\alpha$  ( $H_e=0,764$ ) y la población se encuentra en equilibrio para el locus IL-12 ( $p$ -valor $>0,05$ ). Este estudio destaca la importancia del Criollo Argentino como acervo genético para el estudio de ciertas patologías que afectan a la especie equina.

## DIVERSIDAD DE HAPLOTIPOS EN CABALLOS DE LA RAZA ARABE IDENTIFICADOS POR MEDIO DE MICROSATÉLITES DEL MHC

Sadaba SA<sup>1,2</sup>, CM Corbi Botto<sup>1,2</sup>, ME Zappa<sup>1</sup>, MH Carino<sup>1</sup>, EE Villegas Castagnasso<sup>1</sup>, P Peral Garcia<sup>1</sup>, S Diaz<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEVET, <sup>2</sup>BECARIO UNLP, <sup>3</sup>BECARIO CONICET.

e-mail: sebastiansadaba@yahoo.com.ar

La diversidad de los genes del Complejo Principal de Histocompatibilidad (MHC) es clave en su función en la presentación de antígenos en el sistema inmune. La tipificación indirecta basada en microsatélites (STR) del MHC aporta información de la variabilidad genética, la estructura poblacional, y es una estrategia para conocer procesos selectivos y evolutivos. Con el fin de caracterizar una población de caballos de raza Árabe, se identificaron los haplotipos del MHC sobre la base de tres microsatélites (UM011, DRB2-STR2 y COR112) abarcando una región de ~1Mpb. El ADN genómico se extrajo de sangre y pelo de 30 caballos de cinco Haras de la provincia de Buenos Aires, y los STRs se amplificaron con cebadores fluorescentes para tipificar en secuenciador automático. Se estimaron parámetros poblacionales y de diversidad, y la detección de haplotipos se realizó por análisis de segregación y con el programa de reconstrucción de haplotipos PHASE. Se reconocieron 14 haplotipos que pudieron verificarse en los registros de pedigree del Stud Book. Los resultados obtenidos demostraron la existencia de ligamiento con alelos conocidos de genes de Clase II del ELA y la cantidad de haplotipos identificada permitió expandir la valoración de la diversidad del MHC equino. Esta metodología constituye una herramienta de utilidad y un método alternativo para la tipificación del MHC en linajes de caballos y en estudios poblacionales relacionados con la inmunidad.

## ¿CÓMO LLEGAR A TUS HOJAS? ENSAYO DE EXTRACCIÓN DE ADN DESDE MADERA DE DIFERENTES ESPECIES LEÑOSAS

Moreno AC<sup>1</sup>, FA Roig<sup>1,4</sup>, IE Peralta<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Dendrocronología- IANIGLA-CCT Mendoza- CONICET, <sup>2</sup>IADIZA- CCT Mendoza- CONICET, <sup>3</sup>Cátedra de Botánica Agrícola, Dpto. de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, <sup>4</sup>Cátedra de Dasonomía, Dpto. de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo.

e-mail: cmoreno@mendoza-conicet.gob.ar

Habitualmente resulta más difícil obtener ADN genómico de buena calidad desde árboles que desde el resto de los vegetales, debido a la presencia de contaminantes co-extraídos con el ADN. Además, la inaccesibilidad a las hojas en muchos ejemplares arbóreos impide la utilización de este tejido para la extracción. Se evaluaron tres protocolos de extracción de ADN desde madera de 14 especies pertenecientes a las familias Araucariaceae, Fabaceae, Ephedraceae, Loganiaceae, Anacardiaceae, Capparaceae, Asteraceae, Rhamnaceae y Zygophyllaceae. El material de partida fueron tarugos recién colectados, madera almacenada por 30 años, secciones en alcohol 70 %, en fijador (FAA) e incluidas en parafina. La calidad del ADN extraído se evaluó mediante espectrofotómetro y por amplificación de regiones *ITS*, *mat K*, *trn H* y *rb L*. Se presentan los resultados del éxito de amplificación de las combinaciones de tratamientos realizados involucrando las variables especie, protocolo de extracción y tipo de conservación. El kit comercial DNeasy Plant (Qiagen) con incorporación de PVP 2,6 % (p/v) en el buffer de lisis AP1 e incubación ON a 65°C, permitió la amplificación de las regiones seleccionadas en tarugos recién colectados, alcohol 70 % y madera seca, aunque con menor éxito al comparar con el tejido control (hoja). Los resultados de las muestras conservadas en FAA y parafina fueron variables, debido a la alteración física y química del ADN producida por estos tratamientos. Estos resultados posibilitan complement

## DESARROLLO Y OPTIMIZACIÓN DE UN MÉTODO PARA AISLAR RETROTRANSPONES EN *Allium sativum* L.

Yañez Santos A<sup>1</sup>, M Gimenez<sup>1</sup>, R Paz<sup>2</sup>, S Garcia Lampasona<sup>1,3</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, IBAM, CONICET UNCuyo, <sup>2</sup>Grupo INTERBIODES, CIGEOBIO (FCEFN-UNSJ/CONICET), <sup>3</sup>EEA Mendoza, INTA.

e-mail: magali.d.gimenez@gmail.com

El cultivo *in vitro* empleado para obtener plantas de ajo libres de virus puede provocar variación somaclonal. Una de las causas de esta variación son los cambios genéticos ocasionados por la activación de transposones. Actualmente el estudio de elementos genéticos móviles en ajo es limitado debido a que existe poca información del genoma de esta especie. A partir de geles de poliacrilamida de MSAP (Methylation-Sensitive Amplified Polymorphism), se aislaron y secuenciaron 3 fragmentos que presentaron homología con dominios conservados de proteínas estructurales de retrotransposones del orden LTR, Superfamilia Ty3-gypsy con longitudes de 304, 223 y 301 pb. Se identificaron como RNasa H, retrotranscriptasa (RT) e integrasa (INT) respectivamente. En base a estos resultados planteamos un nuevo objetivo de trabajo para desarrollar un método basado en PCR que permitiera detectar la expresión de genes de retrotransposones e identificar la secuencia de dichos elementos. Con esta finalidad se realizaron alineamientos de las secuencias obtenidas y de transposones homólogos que permitieron detectar las regiones más conservadas a nivel nucleotídico y proteico. Cebadores de secuencia idéntica a las regiones codificantes de los sitios activos de las enzimas se emplearon para la amplificación por PCR del cDNA que permitieron obtener fragmentos de longitud variable entre 700-1500 pb. Estos productos de amplificación, indicarían que distintas especies de transposones se estarían expresando activamente en el ARNm de plantas de ajo.

## ANÁLISIS DE ELEMENTOS REPETITIVOS NO-LTR EN TRES ESPECIES DE *Notolathyrus* (LATHYRUS, FABEA)

Scarpín J<sup>1</sup>, S Samoluk<sup>1</sup>, G Robledo<sup>1,2</sup>, G Seijo<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, <sup>2</sup>Universidad Nacional del Nordeste.

e-mail: jona\_sca@hotmail.com

Los genomas de plantas están constituidos por una gran fracción de secuencias repetitivas. El aumento y remoción diferencial de estas secuencias juegan un importante rol en la evolución genómica. La obtención de retrotransposones mediante PCR ha demostrado que existe una gran diversidad de ellos debido a que estos retroelementos son capaces de originar polimorfismo en un corto tiempo evolutivo. Con el objetivo de analizar la presencia, diversidad y distancia filogenética de elementos repetitivos no-LTR en el genoma de tres especies de la sección *Notolathyrus* (*L. macrostachys*, *L. crassipes* y *L. hasslerianus*), se aislaron 31 secuencias pertenecientes al gen de la transcriptasa reversa de retroelementos tipo LINEs y se las analizó mediante árboles aplicando el método Neighbor-Joining junto con secuencias LINEs de otras Eudicotiledóneas. Todas las secuencias aisladas fueron especie-específicas. En los árboles obtenidos, todas las secuencias de *Notolathyrus* formaron cuatro grupos exclusivos para la sección, separadas de las otras secuencias de Eudicotiledóneas. Sólo uno de estos cuatro grupos resultó ser especie-específico, el cual agrupa seis secuencias LINEs de *L. macrostachys*. El hecho de que casi todas las secuencias aisladas formen tres clusters exclusivos de *Notolathyrus* sugiere que estos LINEs han divergido antes de la diversificación de las especies utilizadas en este estudio. En cambio, aquellos retroelementos que forman el grupo exclusivo de *L. macrostachys* representan una explosión de un grupo de elementos particular a posteriori del surgimiento de dicha especie.

## RESISTENCIA A INHIBIDORES AHAS EN *Raphanus sativus* CONFERIDA POR UNA MUTACIÓN EN EL GEN DE LA ENZIMA

Pandolfo C<sup>1,2</sup>, A Presotto<sup>1,2</sup>, M Cantamutto<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Dpto. de Agronomía, UNdelSur, <sup>2</sup>Conicet Bahía Blanca.

e-mail: cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

El nabón (*Raphanus sativus* L.) es una maleza común de cereales y oleaginosas de la región pampeana. En 2012, se detectaron biotipos de nabón resistentes a herbicidas imidazolinonas (IMI) y sulfonilureas (SU), inhibidores de la enzima acetohidroxiácido sintasa (AHAS). Se evaluaron cuatro accesiones caracterizadas en ensayos previos como resistentes y como control se utilizaron dos de conocida susceptibilidad. Las plantas fueron criadas en invernadero y se tomaron muestras de hojas. Se extrajo ADN de las muestras y se secuenció la región del gen que codifica la enzima AHAS, flanqueada entre los primers WR122F y WR653R, que contiene todas las potenciales mutaciones que confieren resistencia a herbicidas. Además, se utilizó un marcador CAPS específico para la mutación Trp574Leu. Todas las accesiones resistentes presentaron un cambio de nucleótido en la posición 1720, que conllevó el cambio del aminoácido Trp a Leu en la posición 574. Los controles no presentaron esta mutación, aunque se observaron cambios de bases que no implicaron cambios de aminoácidos. En tres de las accesiones resistentes, la mutación se presentó en forma homocigota. La otra accesión resistente presentó plantas heterocigotas para el alelo de resistencia e individuos sin la mutación. Estos datos fueron congruentes con el nivel de resistencia y la segregación observada en esa accesión. Estos resultados confirman que la mutación Trp574Leu está presente en biotipos de *R. sativus* de Argentina, y que confiere resistencia cruzada a las cinco familias químicas de herbicidas inhibidores de la AHAS en esa especie.

## ANÁLISIS Y CARACTERIZACIÓN DEL PRIMER GENOMA CLOROPLASTÍDICO DE *Ilex dumosa*

Cascales J<sup>1,2</sup>, M Bracco<sup>1,2</sup>, L Poggio<sup>1,2</sup>, AM Gottlieb<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución, EGE, IEGEBA (UBA-CONICET), FCEyN, UBA. Ciudad Universitaria, Pab II, 4to piso, Lab. 61-62, <sup>2</sup>CONICET.

e-mail: jcascales@ege.fcen.uba.ar

*Ilex dumosa*, la “yerba señorita”, pertenece al mismo género que la yerba mate, y con ella se elaboran infusiones equivalentes al mate, pero con menor contenido de cafeína. Esta característica, sumada a su mayor resistencia a factores bióticos y abióticos, la convierten en un reservorio de genes de interés agronómico para el mejoramiento de la yerba mate. Sin embargo, se conoce muy poco sobre la genética básica. En este trabajo se obtuvo, por primera vez, la secuencia completa del genoma cloroplastídico de *I. dumosa*. Para esto se aislaron cloroplastos enteros, de los cuales se extrajo el ADN plastídico. El genoma fue secuenciado mediante *Whole Genome Sequencing* (WGS) en el INDEAR, usando la tecnología Roche 454. Se obtuvieron en total 232.018 pb en 1454 lecturas, que fueron ensambladas en 101 *contigs*. El análisis bioinformático realizado por nuestro grupo permitió obtener un plastoma consenso de 157 Kb, con una estructura cuatripartita típica (las regiones de copia única, mayor y menor, y dos regiones invertidas repetidas). La anotación funcional detectó 30 genes de tRNAs, 4 de rRNAs y 80 codificantes; de éstos 18 poseen intrones. Se detectaron 25 secuencias palindrómicas y 22 repeticiones directas (tamaño >30 pb). Se logró completar los *gaps*, y verificar las uniones entre las regiones, mediante el diseño de cebadores específicos y secuenciación de Sanger. La información generada en este estudio provee una base para el desarrollo de futuras tecnologías de transgénesis.

GGM 17

## CHLOROPLAST REPEAT SEQUENCES IN TWO PODOCARPACEAE: *Retrophyllum piresii* AND *Podocarpus lambertii*

Vieira LN<sup>1</sup>, H Faoro<sup>2</sup>, M Rogalski<sup>3</sup>, HPF Fraga<sup>1</sup>, EM Souza<sup>2</sup>, FO Pedrosa<sup>2</sup>, RO Nodari<sup>1</sup>, MP Guerra<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Brazil, <sup>2</sup>Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Núcleo de Fixação Biológica de Nitrogênio, Universidade Federal do Paraná, Brazil, <sup>3</sup>Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil. e-mail: leilanvieira@gmail.com

The chloroplast (cp) genome mode of inheritance, paternal in most gymnosperms, allows us to elucidate the relative contributions of seed and pollen flow to the genetic structure of natural populations by comparison of nuclear and cp markers. The cp microsatellites, or SSRs, may be identified in completely sequenced plant cp genomes by simple database searches, followed by primers designed to screen for polymorphism. To date, studies of cp microsatellites have revealed much higher levels of diversity than have those of cp restriction fragment length polymorphisms (RFLP). We have analyzed the occurrence, type, and distribution of SSRs in the cp genome of two Brazilian native species from Podocarpaceae family: *Retrophyllum piresii* and *Podocarpus lambertii*. We identified 168 SSRs in *R. piresii* and 156 SSRs for *P. lambertii*. Among them, homo- and dipolymers were the most common for both species with, respectively, 96 and 62 for *R. piresii* and 80 and 63 occurrences for *P. lambertii*, whereas only 2 tri- and 8 tetrapolymers were identified in *R. piresii* and 4 tri-, 7 tetra-, 1 penta-, and 1 hexapolymers in *P. lambertii*. Most homopolymers are constituted by A/T sequences (91.66%; 87.5%, respectively), and of the dipolymers (56.45%; 61.1%, respectively) were also constituted by multiple A and T bases. These results reveal the presence of several SSR sites in both species analyzed. Hereafter, these sites can be assessed for the intraspecific level of polymorphism, leading to highly sensitive phylogeographic and population structure studies for this species.

GGM 18

## WEIGHTED GENE CO-EXPRESSION NETWORK ANALYSIS UNCOVERS CANDIDATE GENES FOR SEEDLING DEVELOPMENT

Higgins J<sup>1</sup>, I Bancroft<sup>1</sup>. <sup>1</sup>The Genome Analysis Centre, Norwich Research Park, Colney Norwich NR4 7UH, United Kingdom. e-mail: lisa.hunt@tgac.ac.uk

Seedling development is a critical stage of plant development and is therefore of high importance to plant breeders. We used a co-expression network analysis approach to find candidate genes that potentially played a critical role in seedling development in *Brassica napus*. Expression data was obtained for 99,048 unigenes for a population of 99 *B. napus* lines (96 double haploid lines plus parents, express and v8, and their fl) at 8 and 12 days after sowing. 42 traits from hormone profiling to field data were measured for the *B. napus* population. The expression datasets were used for consensus weighted gene co-expression network analysis ([labs.genetics.ucla.edu/horvath/CoexpressionNetwork/Rpackages/WGCNA/](http://labs.genetics.ucla.edu/horvath/CoexpressionNetwork/Rpackages/WGCNA/)); this extends the pairwise co-expression analysis to produce a measure of gene connectivity. Genes are then clustered into biologically meaningful modules based on the interconnection of genes. This module-centric approach can then be used to understand biological processes associated with specific traits. Genes which are found to be “central” within a module (intramodular hubs) are candidates for key regulators associated with the trait. We identified a number of interesting modules associated with hormones such as cytokinin, the circadian cycle and leaf development. Hubs within modules which were conserved between the 8 and 12 day timepoints were identified. These candidate genes were then assessed in the laboratory for their potential correlation with phenotypic variation found during seedling development.

## ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES DURANTE LA FORMACIÓN DEL ENDOSPERMO DE *Paspalum notatum*

Depetris MB<sup>1</sup>, CA Acuña<sup>2</sup>, CL Quarin<sup>2</sup>, SA Felitti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biodiversidad Vegetal y Microbiana. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, S2125ZAA Zavalla, Sta Fe, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET, Facultad de Cs Agr, UNNE, Sgto Cabral 2131, W3402BKG, Corrientes, Argentina. e-mail: maradepetris@hotmail.com

*Paspalum notatum* es una especie utilizada como modelo en estudios de genética reproductiva vegetal. El citotipo diploide es sexual y autoincompatible mientras que los poliploides son apomícticos, pseudógamos y autofértiles. La formación del endospermo en apomícticos no depende del aporte genómico 2:1 (materno:paterno), típico de las plantas sexuales y de la mayoría de las angiospermas. La formación del endospermo es un aspecto crucial en la perspectiva de incorporar el carácter apomixis a los cereales, ya que estos cultivos no producen granos si esa relación 2m:1p se desvía. Esto haría posible la fijación, el mantenimiento y la multiplicación por semillas de genotipos de interés. El objetivo de este trabajo fue caracterizar el transcriptoma durante la formación de semillas provenientes de plantas apomícticas y sexuales de *P. notatum*. Se extrajo ARN de ovarios 24 hs después de la polinización y se analizó la expresión génica utilizando la metodología de cDNA-AFLP. Se logró secuenciar 91 transcriptos de expresión diferencial entre cruzamientos que forman semilla y otros que no forman semilla. Los resultados permitieron identificar transcriptos potencialmente relacionados con el éxito o el fracaso en el desarrollo del endospermo, involucrados en vías de transducción de señales y en la regulación de la transcripción, entre otras categorías funcionales. Esto contribuirá a comprender el mecanismo por el cual este sistema genera semillas independientemente de la estricta relación genómica materna y paterna (2m:1p) presente en la mayoría de las especies de gramíneas.

## EXPRESIÓN DE CPRECA EN PLÁNTULAS Y EMBRIONES DE CEBADA DE GENOTIPOS CPM Y SALVAJE Plantas

Lencina F<sup>1,2</sup>, A Landau<sup>1</sup>, ME Petterson<sup>1</sup>, V Brizuela<sup>1</sup>, MG Pacheco<sup>1</sup>, K Kobayashi<sup>2</sup>, A Prina<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "E. A. Favret", CICVyA, CNIA, INTA Castelar. <sup>2</sup>Laboratorio de Agrobiotecnología, Departamento de Fisiología, Biología Celular y Molecular, FCEN, UBA. e-mail: lencina.franco@inta.gob.ar

Recientemente, hemos encontrado que la mutante de cebada *cpm* (genotipo mutador de cloroplastos) afecta una amplia gama de sitios del plastoma mediante mutaciones puntuales. Sin embargo, la presencia de cierto tipo de inserciones/deleciones (INDELS) de gran tamaño y de combinaciones particulares de polimorfismos en el gen *rpl23* y su pseudogen, sugieren que también ocurre un aumento de la recombinación homóloga en el plastoma. Con el objeto de estudiar si la recombinación aumentada es un efecto directo del *cpm* o se origina indirectamente, nos propusimos estudiar la expresión del gen *cpRecA*. Dicho gen nuclear se encuentra relacionado con la recombinación homóloga en el plastoma de *Arabidopsis*. En este trabajo se analizó su expresión por RT-PCR en diferentes tejidos de cebada *cpm* y salvaje. Para ello, se diseñaron oligonucleótidos sobre las regiones presuntamente exónicas del ortólogo en cebada (MLOC 10667) y se amplificaron los transcriptos correspondientes a partir de ARN proveniente de hojas y de embriones. Se obtuvo ARN de buena calidad de ambos tejidos, se logró la amplificación del gen de actina y se consiguió una correcta amplificación del gen *cpRecA* de cebada. Si bien la metodología no permitió detectar diferencias de expresión entre los genotipos probados, permitió determinar que el gen *cpRecA* se expresa, en ambas líneas, a niveles notablemente superiores en los embriones respecto de las hojas. Esto señala a los embriones como el mejor material experimental para la cuantificación de *cpRecA* en cebada por RT-PCR en tiempo real.

## IDENTIFICACIÓN FENOTÍPICA, CITOLÓGICA Y MOLECULAR DE LÍNEAS DE GIRASOL CON SENESCENCIA CONTRASTANTE

Lopez A<sup>1</sup>, S Moschen<sup>1</sup>, S Villan<sup>1</sup>, N Paniego<sup>1</sup>, MP Lopez fernandez<sup>2</sup>, V Bugallo<sup>3</sup>, S Maldonado<sup>2</sup>, RA Heinz<sup>1</sup>, P Fernandez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA Castelar, Instituto de Biotecnología, <sup>2</sup>FCEyN, UBA, <sup>3</sup>INTA Castelar, Instituto de Floricultura.  
e-mail: fernandez.pc@inta.gob.ar

La senescencia foliar es un mecanismo controlado por múltiples variables genéticas y ambientales que limitan el rendimiento de los cultivos. Es el último estadio en el desarrollo foliar, caracterizado por una declinación fotosintética, reciclado de nutrientes y muerte celular. El objetivo de este trabajo fue estudiar el proceso de senescencia en líneas públicas endocriadas de girasol (*Helianthus annuus* L.) bajo condiciones naturales de campo, mediante análisis fisiológicos, citológicos y moleculares, de modo de identificar líneas contrastantes para la evaluación de este carácter de origen complejo. Un total de 10 (diez) líneas de girasol, que presentaron un comportamiento contrastante en el inicio de la senescencia en estudios fisiológicos previos, fueron evaluadas. Mediante un análisis de la evolución del área foliar verde y rendimiento se seleccionaron 4 líneas contrastantes, 2 que adelantaron la senescencia y 2 que la retrasaron en el ensayo a campo. El contraste observado fenotípicamente fue confirmado mediante técnicas moleculares de TUNEL, bandeado de ADN (DNA ladder) y citometría de flujo, que permitieron detectar la muerte celular programada asociada a la senescencia foliar, así como también posibles mecanismos de endoreduplicación. Estos resultados permitieron identificar 4 líneas contrastantes para el inicio del proceso, la puesta a punto de técnicas de evaluación citológica en una especie novedosa y su integración con variables moleculares, de modo de identificar nuevos biomarcadores asociados al proceso de senescencia foliar temprana en girasol.

## ANÁLISIS DE DATOS TRANSCRIPTÓMICOS Y METABOLÓMICOS PARA LA RESPUESTA A DÉFICIT HÍDRICO EN GIRASOL

Moschen S<sup>1,2</sup>, CS Villan<sup>1</sup>, JA Di Rienzo<sup>3</sup>, T Tohge<sup>5</sup>, J Hollmann<sup>6</sup>, S González<sup>1,2</sup>, M Rivarola<sup>1,2</sup>, HE Hopp<sup>1,7</sup>, A Fernie<sup>5</sup>, K Krupinska<sup>6</sup>, N Paniego<sup>1,2</sup>, RA Heinz<sup>1,2,7</sup>, P Fernández<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina, <sup>2</sup>CONICET, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina, <sup>3</sup>Escuela de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de San Martín, San Martín, Buenos Aires, Argentina, <sup>4</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina, <sup>5</sup>Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm, Alemania, <sup>6</sup>Botanisches Institut Biologie der Pflanzenzelle Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Kiel, Alemania, <sup>7</sup>FCEyN, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: moschen.sebastian@inta.gob.ar

El déficit hídrico es uno de los estreses abióticos más relevantes que condiciona el rendimiento de los cultivos. Bajo estas condiciones, el metabolismo de la planta es perturbado y debe ser reconfigurado para mantener el metabolismo esencial y aclimatarse mediante la adopción de un estado de equilibrio. El objetivo de este trabajo fue la identificación de genes candidatos y vías metabólicas claves implicadas en la respuesta al déficit hídrico temprano en plantas de girasol, una especie con una tolerancia relativa mayor que otras especies, a través de un análisis integrado de perfiles de transcripción y metabólicos. Se llevó a cabo un experimento de campo bajo condiciones de déficit hídrico y control. Se realizó un análisis de micromatrices y GC-MS en muestras de hojas colectadas a diferentes tiempos de desarrollo. Genes y metabolitos relacionados con procesos de fotosíntesis y almacenamiento de compuestos fueron encontrados sobre-expresados bajo condiciones de déficit hídrico, mientras que aquellos relacionados a procesos de reciclado de nutrientes y senescencia fueron sub-expresados. Por otro lado, diversas secuencias con alta identidad a factores de transcripción fueron detectadas con altos niveles de expresión en etapas tempranas, postulándolas como potenciales activadores de esta respuesta. La identificación de nuevos genes y metabolitos asociados con la tolerancia a déficit hídrico ayudará a dilucidar los mecanismos moleculares subyacentes y permitir la generación de nuevas herramientas moleculares para su aplicación en las estrategias de mejoramiento de los cultivos.

## GENES CANDIDATOS EN RESPUESTA A ESTRÉS HÍDRICO EN *Nothofagus*: ESTUDIO EN UN GRADIENTE PLUVIOMÉTRICO

Soliani C<sup>1,2</sup>, MV Arana<sup>1,2</sup>, P Marchelli<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche, <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.  
e-mail: soliani.carolina@inta.gbo.ar

Las especies vegetales distribuidas en gradientes ambientales pueden mostrar respuestas adaptativas diferenciales, determinadas por las condiciones del hábitat local. Estas condiciones ejercen presión de selección sobre los individuos, determinando en muchos casos el establecimiento de clinas de variación genética. El objetivo de este trabajo es evaluar la diversidad en genes candidatos para la respuesta al estrés hídrico de dos especies forestales, *Nothofagus nervosa* y *Nothofagus obliqua*, distribuidas a lo largo de un gradiente pluviométrico. Con el fin de distinguir los efectos de eventos demográficos de los generados por selección, se realizó inicialmente un análisis de estructura genética utilizando microsatélites (SSRs). Se genotipificaron 437 individuos provenientes de 13 poblaciones con 14 SSRs. Con el fin de estudiar la señal de selección en genes de respuesta a estrés hídrico, se diseñaron primers para 18 genes putativos a partir de secuencias disponibles del transcriptoma de *N. nervosa*. Se logró una óptima amplificación y secuenciación de 8 genes en *N. nervosa* y *N. obliqua*. La variación encontrada en estos genes se debe mayoritariamente a diferencias entre especies, sin embargo se detectaron individuos heterocigotos que confirmarían la presencia de marcadores a nivel de nucleótido (SNPs). Dadas las tolerancias hídricas distintivas de cada especie, los resultados podrían estar reflejando adaptaciones locales. Actualmente, se está estudiando la posible señal de selección sobre estos genes, en poblaciones distribuidas a lo largo del gradiente pluviométrico.

## IDENTIFICACION MOLECULAR DE RIZOBACTERIAS PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO VEGETAL ASOCIADAS A CULTIVOS DE HORTALIZAS

Galvis NF<sup>1</sup>, Z Galvis<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Investigador del grupo de Investigación Majumba de la Universidad Francisco de Paula Santander, Cúcuta, Colombia.  
<sup>2</sup>Joven Investigador de Colciencias del grupo de Investigación Majumba de la Universidad Francisco de Paula Santander, Cúcuta, Colombia.  
e-mail: fgs999@hotmail.com

Las bacterias promotoras del crecimiento vegetal son capaces de adaptarse, colonizar y persistir en la rizosfera de la planta, lo cual favorece su crecimiento y desarrollo. En este trabajo se aislaron 34 cepas nativas de bacterias diazótroficas, a partir de muestras de suelo rizosférico de cultivos de hortalizas, las cuales fueron identificadas como *Azotobacter sp.*, *Azospirillum sp.*, *Burkholderia sp.* y *Pseudomonas sp.* mediante medios selectivos y pruebas bioquímicas. Posteriormente se realizó la identificación molecular a través de la reacción en cadena de la polimerasa, diseñando cebadores específicos para la identificación de *Azotobacter chroococcum*, *A. chroococcum*, *A. nigricans*, *A. vinelandii*, *Azospirillum amazonense*, *A. brasilense*, *A. halopraeferens*, *A. lipoferum*, *Burkholderia tropica*, *B. vietnamiensis*, *Pseudomonas putida*. En la identificación molecular mediante PCR utilizando los cebadores diseñados se logró la determinación de *P. putida*, *A. chroococcum* y *A. brasilense*. La identificación de estas rizobacterias permitió comprobar la especificidad de los cebadores diseñados en este trabajo para ser utilizados en el diagnóstico molecular; y además, estos microorganismos podrían emplearse como potenciales biofertilizantes; comprobándose su efecto a nivel de invernadero, con un suelo no estéril, para compararlo con los microorganismos nativos y condiciones controladas, con posibilidades de ser aplicados en campo en cultivos de interés agronómico.

## OPTIMIZACIÓN DE UN NUEVO MÉTODO PARA LA EXTRACCIÓN DE ADN DESDE SANGRE PERIFÉRICA

Alvarez MF<sup>1</sup>, JM Mondaca<sup>1</sup>, MA Palavecino Nicotra<sup>1</sup>, S Siewert<sup>1</sup>, I Gonzalez<sup>1</sup>, MS Ojeda MS<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Diabetes - Universidad Nacional de San Luis. Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia. San Luis, Argentina.  
e-mail: micaalvarez925@gmail.com

**Introducción:** La extracción de ADN se realiza para obtener moléculas con alto grado de pureza y utilizarlas para PCR. **Objetivo:** evaluar dos métodos de extracción de ADN a partir de muestras de sangre para su posterior empleo en la técnica de PCR. Se utilizó un equipo comercial QIAamp DNA blood Mini Kit (Qiagen) y un protocolo optimizado en nuestro laboratorio. **Método optimizado:** 500 µl de sangre fueron homogenizados en 1000 µl de Buffer de Lisis de globulos rojos, se incubó 10 minutos (min) a temperatura ambiente (T° amb). Todas las centrifugaciones se realizaron a 12.000 rpm. Se centrifugó 10 min., se descartó el sobrenadante y se añadió 1000 µl de agua destilada estéril. Se mezcló por inversión, se centrifugó 4 min. Al pellet se le agregó 400 µl de STE, 40 µl de SDS al 10% y 10 µl proteinasa K (20mg/ml). Se mezcló y se incubó 20 min. a 60 °C. Se añadieron 500 µl de cloroformo isoamílico (24:1) y se mezcló hasta emulsionar las fases. Se centrifugó 10 min. Al sobrenadante se adicionó 40 µl de NaCl 3M, 700 µl de isopropanol frio. Se incubó 20 min. a -20 °C, se centrifugó 10 min. y el precipitado se lavó con etanol (70 %). Se secó a T° amb, y se disolvió en 50 µl de TE. **Resultados:** La comparación entre métodos no mostró diferencias respecto a la integridad y pureza de los ADNs y resultaron óptimos para PCR, con concentraciones de 100 a 300 ng/µl para Qiagen y de 1 a 50 ng/µl en nuestro protocolo. **Conclusiones:** El protocolo optimizado es de bajo costo, rápido, óptimo para PCR y no involucra la utilización de fenol para la extracción de ADN.

## OPTIMIZACIÓN DE UNA TÉCNICA DE PCR EN TIEMPO REAL PARA LA DETECCIÓN DE MUTACIONES EN EL GEN HFE

Parellada ME<sup>1</sup>, M Cervera<sup>1</sup>, SE Lazarte<sup>1</sup>, BA Issé<sup>1</sup>, ME Mónaco<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Bioqca Clínica I Fac de Bioqca. Qca y Fcia Universidad Nacional de Tucumán, <sup>2</sup>Laboratorio Tucumán.  
e-mail: emonaco@fbqf.unt.edu.ar

La β-talasemia es debida a la deficiente producción de cadenas de beta globina, constituye la principal causa de anemia hereditaria y se caracteriza por presentar eritropoyesis ineficaz y desbalance férrico. La homeostasis del hierro es un proceso regulado por la hepcidina, la cual es modulada a nivel transcripcional por las interacciones entre la proteína HFE y los receptores de transferrina. La presencia de mutaciones del gen HFE potenciarían el desbalance férrico en portadores del rasgo β-talasémico por lo que su identificación facilitaría el manejo clínico de los mismos evitando estados de sobrecarga férrica. El objetivo de este trabajo fue desarrollar y optimizar una técnica de PCR en tiempo real para la detección de las mutaciones C282Y, H63D y S65C en el gen HFE utilizando sondas FRET. Se diseñaron los cebadores y sondas, se optimizó el perfil de ciclado y la concentración de iones Mg para una PCR asimétrica. Las reacciones de amplificación se llevaron a cabo en un volumen final de 20 µl conteniendo: 0,06 µM del primer forward; 0,2 µM del primer reverse; 0,2 µM de cada sonda fluorescente y 2 µl de DNA. El perfil de ciclado fue el siguiente: activación de la enzima y desnaturalización de la muestra, 94°C por 8 min; seguido por 42 ciclos de desnaturalización a 95°C 8 seg; annealing a 53°C 12 seg y extensión a 72°C 12 seg. El ensayo fue evaluado empleando controles heterocigotas para cada mutación y el análisis de las temperaturas de melting (Tm) de los fragmentos amplificados permitió la diferenciación entre los alelos salvajes y los alelos mutados del gen HFE.

## DETERMINACIÓN DEL VIRUS DENGUE EN *Aedes aegypti* MEDIANTE RT-PCR EN EL ÁREA METROPOLITANA DE SAN JOSÉ DE CÚCUTA

Galvis NF<sup>1</sup>, C Lozano<sup>2</sup>, F Quintero<sup>2</sup>, S Peñaranda<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Lider grupo de Investigación Biogen de la Universidad de Santander, Cúcuta, Colombia, <sup>2</sup>Investigadores del grupo de Investigación Biogen de la Universidad de Santander, Cúcuta, Colombia, <sup>3</sup>Estudiante de pregrado de Bacteriología de la Universidad de Santander, Cúcuta, Colombia.  
e-mail: fgs99@hotmail.com.

El dengue es una enfermedad febril aguda causada por la infección con cualquiera de los serotipos de virus denominados DEN1, DEN2, DEN3 y DEN4. Los virus son transmitidos al hombre a través de mosquitos del género *Aedes* sp., siendo *A. aegypti* el vector más importante en las Américas. La infección viral causa un espectro de manifestaciones clínicas, desde una enfermedad febril leve hasta un cuadro hemorrágico severo y fatal, dependiendo de la secuencia de serotipos de virus infectantes, estado inmune, edad y características genéticas del individuo. El objetivo de este proyecto es el de identificar los 4 serotipos del virus dengue en *A. aegypti* mediante RT-PCR, permitiendo medir la frecuencia del virus en el vector en una época del año, en los municipios Villa Rosario, Los Patios, El Zulia, Puerto Santander y San Cayetano. En los resultados de la RT-PCR se observó producto en 5 de 22 pools analizados, identificando el serotipo 1 en 1 pool y el serotipo 4 en 4 pools, en el municipio de Villa del Rosario. En el análisis estadístico, se estableció que un 5.49% de los pools fueron positivos y corresponden a 5 de los 91 pools totales, analizados en este estudio, identificando los serotipos 1 y 4 en Villa del Rosario. Medir la frecuencia del virus en el vector en diferentes épocas del año serviría de advertencia para tomar medidas preventivas en el control del vector y de futuras epidemias en la región.

## CARACTERIZACIÓN DE GENES CYP21A2/ CYP21A1P EN LA DEFICIENCIA DE 21-HIDROXILASA

Fernández C<sup>1</sup>, N Buzzalino<sup>1</sup>, M Taboas<sup>1</sup>, L Espeche<sup>1</sup>, M Delea<sup>1</sup>, M Stivel<sup>2</sup>, L Alba<sup>1</sup>, L Dain<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Centro Nacional de Genética Médica-ANLIS, <sup>2</sup>División Endocrinología, Hospital Durand, <sup>3</sup>Instituto de Biología y Medicina Experimental-CONICET.  
e-mail: cecisolfer@gmail.com

El gen *CYP21A2* codifica la enzima 21-hidroxilasa, cuya deficiencia es la principal causa de Hiperplasia Suprarrenal Congénita. El gen forma parte del módulo RCCX, que está generalmente duplicado y repetido en tándem. Como consecuencia los cromosomas poseen un gen activo y un pseudogen inactivo. La elevada identidad de secuencia entre ambos favorece la recombinación desigual y la transferencia de secuencias del pseudogen al gen por conversión génica, las que generan *CYP21* quimeras e híbridos, respectivamente. En trabajos previos se caracterizó la región RCCX en 237 pacientes. Se identificaron 15 alelos con genes quimeras por delección y 13 con genes híbridos por macroconversión. En este trabajo se presenta la caracterización de estos alelos con el fin de delimitar el punto de ruptura en la delección o la región donde finalizó la conversión génica. Para cada paciente se amplificó un fragmento específico, que se usó para amplificar la región de interés y secuenciarla. Se identificaron 5 quimeras diferentes entre los 15 alelos con delección del gen, similares a las reportadas. Entre los 13 alelos convertidos, se identificaron 4 regiones distintas donde finalizaron las macroconversiones, que fueron similares a las regiones de los puntos de ruptura en las delecciones. Estos resultados sugerirían que la recombinación y la conversión génica estarían íntimamente ligadas, y que estos 2 mecanismos (principales generadores de mutaciones) producen diversidad de alelos deficientes y colaboran con la elevada variabilidad de la región.

## DETECTION OF MUTATIONS IN *BRCA1* AND *BRCA2* OF BREAST CANCER BY MASSIVE PARALLEL SEQUENCING

Galeano Petro L<sup>1,2</sup>, G Guevara Pardo<sup>2</sup>, H Groot de Restrepo<sup>1</sup>, MC Lattig Matiz<sup>1</sup>, D Restrepo Montoya<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Universidad de los Andes, <sup>2</sup>Instituto Colombiano de Genética y Oncología Molecular.  
e-mail: lilianag7@gmail.com

This study describes how the massive parallel sequencing technology can be implemented in a diagnostic setting for the breast cancer susceptibility genes, *BRCA1* and *BRCA2*. At the present, genetic testing is offered in many centers in North America, Europe, Australia and Israel, but is not generally available in developing countries as Colombia, South America. Genetic testing is gaining acceptance worldwide because of the increasing numbers of preventive options available to women with a mutation. We performed deleterious mutations and variant of unknown significance analysis of *BRCA1* and *BRCA2* on patients with breast cancer in Colombia using massively parallel sequencing. Of 250 patients, initially sequenced by the method of Sanger, 24 patients were subselected for the massive parallel sequencing of *BRCA1* and *BRCA2*. The throughput was maximized by increasing uniformity in coverage, obtained by target enrichment of *BRCA1* and *BRCA2* in 21 amplicons ranging from 1.2-5.9kb and 6 reactions by long PCR multiplex approach and sequencing the fragments library in 5500xl SOLiD Sequencer and analysis by LifeScope software. Deleterious mutations and variants of unknown significance were identified and confirmed by Sanger sequencing with 100% concordance. Our workflow illustrates the potential of massive parallel sequencing of large genes in a diagnostic setting which is of great importance to meet the increasing expectations of genetic testing. A wider spectrum of women at risk in Colombia will be able to benefit from therapeutic and prophylactic interventions.

## GENETIC POLYMORPHISMS IN XENOBIOTIC METABOLIZING AND SPORADIC COLORECTAL CANCER

Fernandes GMM<sup>1</sup>, A Russo<sup>1</sup>, MA Proença<sup>2</sup>, A Silva<sup>2</sup>, GS Cunrath<sup>3</sup>, JG Netinho<sup>3</sup>, EC Pavarino<sup>1,4</sup>, EM Goloni-Bertollo<sup>1,4</sup>. <sup>1</sup>Research Unit in Genetics and Molecular Biology - UPGEM / São José do Rio Preto Medical School FAMERP; São José do Rio Preto - SP, Brazil, <sup>2</sup>São Paulo State University - UNESP; São José do Rio Preto - SP, Brazil, <sup>3</sup>Department of Surgery - FAMERP; São José do Rio Preto - SP, Brazil, <sup>4</sup>São José do Rio Preto Medicine School Fundation - FUNFARME; São José do Rio Preto - SP, Brazil.  
e-mail: eny.goloni@famerp.br

Genetic polymorphisms involved with xenobiotic metabolizing may modulate the development of cancer. This study investigated the CYP1A1\*2A, CYP1A1\*2C, CYP2E1\*5B, CYP1E1\*6, Tyr113His EPHX1 and His139Arg EPHX1 polymorphisms related to xenobiotic metabolizing in the risk of sporadic colorectal (SCRC) cancer and the interaction of these polymorphisms with lifestyle (smoking and drinking), clinical and histopathological parameters and socio-demographic factors. A case-control study was conducted in 641 subjects in the Brazilian population (241 patients with SCRC and 400 controls). Real-Time PCR and PCR-RFLP was performed for genotyping. Statistical analysis was performed using multiple logistic regression binary. The results showed statistically significant differences between the case and control groups for age greater than 50 years (OR=8.21, 95%CI=5.49-12.28, p<0.01) and male gender (OR=0.50, 95%CI=0.32-0.87, p<0.01) The analysis of polymorphisms revealed an association between the alleles polymorphic CYP2E1\*5B (OR=2.84, 95%CI=1.78-4.52, p<0.01, additive model) and CYP2E1\*6 (OR=2.78, 95%CI=1.91-4.06, p<0.01, additive model) and the SCRC. Tumor size, lymph node involvement and disease primary site were not associated with polymorphisms. The CYP2E1\*5B and CYP2E1\*6 polymorphisms are involved in the risk of SCRC and individuals with age ≥ 50 years are more susceptible to this tumor type, while those of males are less susceptible. Financial Support: FAPES; CAPES; CNPq. Support: FAMERP/FUNFARME.

## EXPRESIÓN GÉNICA Y NIVEL SÉRICO DEL VEGF EN PACIENTES CON CARCINOMA HEPATOCELULAR, VHC O CIRROSIS

Ferreira RF<sup>1</sup>, V Nogueira<sup>1</sup>, RCMA Silva<sup>1</sup>, GD Tenani<sup>1</sup>, MAS Pinhel<sup>1</sup>, DRS Souza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto - FAMERP.

e-mail: rafael91\_fernandes@hotmail.com

El objetivo fue analizar la expresión génica y los niveles séricos de VEGF, su sensibilidad y especificidad, en pacientes con CHC, cirrosis, VHC y controles. Para la determinación de los valores de expresión génica relativa, se han estudiado 80 individuos: La dosificación de VEGF fue realizada por ELISA para 20 pacientes de cada grupo. Niveles de expresión génica de biopsias hepáticas fueron analizados por Transcripción Reversa - Reacción en Cadena de la Polimerasa para G1 10 con CHC; G2 12 cirróticos por cualquier etiología; G3 06 VHC sin cirrosis; G4 12 controles. El análisis estadístico ha comprendido test t, test exacto de Fisher o Chi-cuadrado, curva ROC y ANOVA ( $P < 0,05$ ). El análisis de la expresión génica relativa para VEGF fue parecido entre los grupos ( $P > 0,05$ ). Sin embargo, se ha destacado la expresión del referido gen para pacientes con cirrosis ( $G2 = 160,4 \pm 343,8$ ), comparado a pacientes con CHC ( $G1 = 1,74 \pm 3,27$ ) o VHC ( $G3 = 86,9 \pm 20,8$ ). Niveles séricos aumentados de VEGF fueron observados en G1 ( $588,0 \pm 501,0$  pg/mL) comparado a G2 ( $173,0 \pm 113,0$  pg/mL), a G3 ( $273,0 \pm 189,0$  pg/mL) y a G4 ( $190,0 \pm 188,0$  pg/mL;  $P < 0,01$  para todos). La diferenciación del grupo con CHC del grupo con cirrosis utilizando nivel sérico del VEGF se ha destacado con sensibilidad de 65% y especificidad de 85% [área bajo la curva = 0,8175 (0,66 a 0,98)]. La expresión génica de VEGF no ha presentado asociación al CHC; sin embargo, los niveles séricos elevados de esa glicoproteína en individuos con CHC puede utilizarse como indicador de desarrollo de tumor en pacientes con cirrosis, sugiriéndolo, así, como potencial marcador para este tipo de cáncer.

## DIFERENCIACIÓN DEL GEN OPRM1 EN UNA MUESTRA HOSPITALARIA BONAERENSE

Pascua M<sup>1</sup>, GP Di Santo Meztler<sup>1</sup>, R Ferrando<sup>2</sup>, D Finkel<sup>2</sup>, CI Catanesi<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Lab. de Diversidad Genética IMBICE, La Plata, <sup>2</sup>Div. Anestesiología, Hospital General de Agudos Dr. J. M. Ramos Mejía, GCBA.

e-mail: malen\_lauri\_tr@hotmail.com

La población argentina presenta diferencias en las frecuencias de los polimorfismos de genes asociados con la sensibilidad al dolor, por ejemplo en los genes COMT e IL1RN. El receptor opioide mu es el objetivo y principal puerta de entrada de las sustancias analgésicas opioides, tanto endógenas como exógenas, y el gen que lo codifica, OPRM1, presenta diversos polimorfismos que afectan la función del receptor. Con el fin de conocer la variación de este gen en nuestra población, se analizaron 6 SNPs de OPRM1 en muestras de ADN de 75 pacientes donantes voluntarios de la División Anestesiología del Hospital Ramos Mejía, Ciudad de Buenos Aires. Mediante PCR-RFLP se analizaron: rs1799971, rs1799972, rs17174794, rs2075572, rs540825 y rs562859. La diversidad génica promedio fue de  $0,3693 \pm 0,2692$  y la heterocigosis media observada de 25,56%. Los marcadores se ajustaron al equilibrio de Hardy-Weinberg ( $p > 0,05$ ). En la comparación con datos de Resistencia y Corrientes, se hallaron diferencias significativas con ambas provincias (test exacto basado en frecuencias genotípicas y Fst,  $p < 0,05$ ). Aunque requieren ser corroborados en una muestra de mayor tamaño, estos resultados mostrarían el efecto de una contribución diferencial de los componentes nativo y europeo en las distintas provincias argentinas.

## VARIANTES GENÉTICAS DE LA APOLIPOPROTEÍNA-E Y EL PERFIL LIPÍDICO EN LA DEGENERACIÓN MACULAR

Cezario SM<sup>1</sup>, MCJ Calastri<sup>1</sup>, CC Cotrim<sup>2</sup>, MAS Pinhel<sup>2</sup>, ML Gregório<sup>1</sup>, MF Godoy<sup>1</sup>, R Jorge<sup>2</sup>, DRS Souza<sup>1</sup>, RC Siqueira<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Medicina de São José do Rio Preto - FAMERP, SP-Brasil, <sup>2</sup>Facultad de Medicina de Ribeirão Preto - FMRP/USP, SP-Brasil.

e-mail: sabrina-mayara@hotmail.com

**Introducción** - Degeneración macular relacionada con la edad (DMRI) resulta en la pérdida de la visión central, se destacando el metabolismo de lípidos en la patogénesis de la enfermedad y su asociación con apolipoproteína-E (apo E), lo que necesita esclarecimiento debido a informes contradictorios en la literatura. **Objetivo:** Evaluar la asociación del polimorfismo *APOE-HhaI* y el perfil de lípidos con DMRI. **Metodología** - Se realizó genotipificación de *APOE* en 134 pacientes (G1) y 164 controles (G2). Perfil lipídico incluyó colesterol total (CT), fracciones (LDLc, HDLc) y triglicéridos (TG) analizado en 30 personas en ambos os grupos, emparejados por edad y sexo. Nivel de significación  $P < 0,05$ . Resultados - *APOE\*3/E3* prevaleció (G1=74,6; G2=77,4%), sin diferencia significativa entre los grupos ( $P=0,667$ ) lo mismo ocurrió en genotipos de riesgo (*APOE\*E2/\_*: G1=7,4; G2=10,3%,  $P=0,624$ ). Niveles serológicos de CT, LDLc y TG mostró medianas similares ( $P > 0,05$ ) en G1 (193,5; 116; 155mg/dL) y G2 (207,5; 120; 123,5mg/dL). Para HDLc se notaron niveles elevados en G2 (53,3mg/dL) versus G1 (42,5mg/dL;  $P=0,0163$ ) en el análisis de regresión logística, cuya razón HDLc/CT mostró coeficiente -11,423 ( $P=0,014$ ). Distribución del perfil de lípidos en genotipos de riesgo en relación con homocigoto salvaje (*APOE\*3/E3*) mostró ninguna diferencia entre los grupos, con excepción de CT (G2=220 versus G1=193mg/dL;  $P=0,008$ ). **Conclusión** - *APOE-HhaI* no esta asociada a AMD, no obstante, el aumento del nivel de HDLc parece resultar en menos riesgo para la enfermedad independiente de los genotipos de apo E.

## VARIANTES GENÉTICAS PARA ANGIOGÉNESIS Y METABOLISMO DE LÍPIDOS EN LA DEGENERACIÓN MACULAR

Calastri MCJ<sup>1</sup>, SM Cezario<sup>1</sup>, FTI Gonçalves<sup>1</sup>, MAS Pinhel<sup>2</sup>, CC Cotrim<sup>2</sup>, CIF Oliveira<sup>1</sup>, MF Godoy<sup>1</sup>, KNS Oliveira<sup>1</sup>, R Jorge<sup>2</sup>, DRS Souza<sup>1</sup>, RC Siqueira<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Medicina de São José do Rio Preto - FAMERP, SP-Brasil, <sup>2</sup>Facultad de Medicina de Ribeirão Preto - FMRP/USP, SP-Brasil.

e-mail: sabrina-mayara@hotmail.com

**Introducción** - Degeneración macular relacionada a la edad (DMRI) resulta en la pérdida de la visión central, destacándose factores genéticos relacionados al metabolismo de lípidos y mecanismos de neovascularización en la patogénesis de la enfermedad. **Objetivo:** Evaluar la influencia de polimorfismos del factor de crecimiento endotelial vascular (*VEGF-C936T*) y apolipoproteína E (*APOE-HhaI*), y su relación con comorbilidades y hábitos de vida en la DMRI. **Material y Métodos:** Se ha realizado análisis de los referidos polimorfismos en 134 pacientes (G1) y 164 controles (G2), en la franja etaria entre 50-89 años, evaluados también con respecto al índice de masa corporal, tabaquismo y etilismo. Se ha admitido nivel de significancia  $P < 0,05$ . Resultados: En ambos grupos prevalecieron genotipos homocigóticos salvajes de *VEGF-C936T* (CC - G1=75%; G2=79%;  $P=0,4174$ ) y *APOE-HhaI* (*APOE\*3/E3* - G1=74,6%; G2=77,4%;  $P=0,667$ ), sin diferencia significativa entre los grupos, lo mismo ha pasado a los genotipos de riesgo (*APOE\*E2/\_ + T/\_*: G1=2,9%; G2=2,4%;  $P=1,0$ ) y de protección (*APOE\*E4/\_ + C/\_*: G1=14,9%; G2=9,8%;  $P=0,3$ ), así como para las demás variables ( $P > 0,05$ ). Sin embargo, el análisis de regresión logística ha mostrado el tabaquismo como variable independiente para DMRI con coeficiente de 0,514148 ( $P=0,047$ ). **Conclusión** Factores genéticos relacionados a la angiogénesis (*VEGF-C936T*) y metabolismo de lípidos (*APOE-HhaI*) no se asocian a DMRI; sin embargo, el tabaquismo se muestra como factor de riesgo independiente para la enfermedad.

## CARACTERIZACIÓN DE UNA DELECIÓN DE 165 Kb DEL F8 POR RECOMBINACIÓN NO-HOMÓLOGA CAUSAL DE HEMOFILIA

Abelleyro MM<sup>1</sup>, LC Rossetti<sup>1</sup>, CP Radic<sup>1</sup>, VD Marchione<sup>1,2</sup>, M Candela<sup>1,2</sup>, IB Larripa<sup>1,2</sup>, CD De Brasi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Molecular de la Hemofilia, IMEX, CONICET-Academia Nacional de Medicina, Argentina, <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Hematológicas Mariano R Castex, Academia Nacional de Medicina.  
e-mail: martinabelleyro@gmail.com

Las grandes deleciones del F8 representan el 8–15% de las hemofilias A severas (HAs) y predisponen al desarrollo de inhibidores terapéuticos, anticuerpos anti-factor VIII. Este trabajo presenta la caracterización molecular completa de una gran deleción del F8 detectada en un paciente con HAs e inhibidor de alto título (>5UB/dL) por ausencia consistente de amplificación del exón 3 al 26 (último exón del F8). Para identificar la región 3' de la deleción se diseñó un abordaje de análisis de acercamiento por bipartición: cinco amplímeros ubicados a 100, 50, 25, 12 y 6kb río-abajo del F8-exón 26 todos positivos en el paciente hemicigota. La amplificación PCR de larga distancia desde el F8-exón 2 hasta el producto de amplificación de 6Kb rindió una señal específica del alelo mutado de ≈4kb cuyo análisis de restricción múltiple y secuenciación permitió diseñar primers en el F8-IVS2 y F8+3,5kb para la amplificación PCR-estándar de la deleción para el diagnóstico molecular directo del paciente, su madre y dos hermanas. La secuenciación de este producto específico de 661bp permitió caracterizar una deleción de 165.297bp (ChrX:154226532-154061235), NM\_000132.3:c.[265+1220\_\*4636del165297;265+1220\_265+1221insAG]. Los extremos de la ruptura (F8-IVS2::F8+3,5kb) no presentan elementos repetidos interdispersos, ni repeticiones de pocas copias, indicando un mecanismo de recombinación no-homóloga por defectos en la reparación de rupturas por unión de extremos no-homólogos (NHEJ), o alternativamente, defectos en la replicación por *Fork Stalling-Template Switching* (FoSTeS).

## EIF4E MULTIFACÉTICA: DE LA TRADUCCIÓN A LA GENERACIÓN DE ARRITMIAS CARDÍACAS

Santalla M<sup>1,2</sup>, CA Valverde<sup>2</sup>, E Lacunza<sup>3</sup>, A Mattiazzi<sup>2</sup>, P Ferrero<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones Cardiovasculares. UNLP-CONICET, <sup>2</sup>Departamento de Ciencias Básicas y Experimentales. UNNOBA, <sup>3</sup>Centro de Investigaciones Inmunológicas Básicas y Aplicadas. UNLP-CONICET.  
e-mail: santallamanuela@gmail.com

El factor eucariota de inicio de la traducción eIF4E ha demostrado ser una molécula versátil, con otras funciones diferentes a la traducción, destacándose como posible molécula arritmogénica en el corazón de *Drosophila melanogaster*. Aquí estudiamos el rol de eIF4E en la fisiopatología cardíaca de *Drosophila* a través de la ventaja que ésta provee como modelo genético. La alta homología entre sus genes y los de mamífero permite extrapolar los resultados al humano. Caracterizamos la frecuencia cardíaca, el aumento transitorio de calcio intracelular (Ca<sup>2+</sup><sub>i</sub>) y la generación de arritmias en líneas mutantes con niveles diferenciales de expresión de eIF4E. Se midió el efecto de la reducción de eIF4E en una línea que posee una mutación puntual (G-A) en el sitio aceptor de splicing del segundo intrón del gen eIF4E1/2 que resulta en una proteína truncada no funcional. Las moscas se cruzaron con una línea transgénica portadora de un sistema reportero que sensa cambios en el Ca<sup>2+</sup><sub>i</sub>. La reducción parcial sistémica de eIF4E aumentó la frecuencia cardíaca (103,21 vs 70,73 lat/min) y disminuyó el índice de arritmias (0,19 vs 0,32 seg) con respecto a las moscas control a los 7 días de edad. Se observó una disminución en el tiempo desde el inicio del aumento del transitorio hasta su máximo (0,14 vs 0,19 seg) y en la máxima velocidad de contracción (0,5 vs 0,77 Unidades de fluorescencia/seg). Los resultados indican un rol de eIF4E en el manejo del Ca<sup>2+</sup><sub>i</sub>, la frecuencia cardíaca y la generación de arritmias independientemente de su papel como factor de inicio de la traducción.

## DETECCIÓN DE VARIANTES DEL GEN *ELN* EN PACIENTES CON SÍNDROME DE WILLIAMS

Delgado ML<sup>1</sup>, G Ercoli<sup>1</sup>, P Manso<sup>2</sup>, D Cisterna<sup>3</sup>, E Pastene<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro Nacional de Genética Médica, Dr. Eduardo E Castilla, ANLIS, Malbrán, CABA, <sup>2</sup>Hospital El Cruce, Nestor Carlos Kirchner, Florencio Varela, Prov. Buenos Aires, <sup>3</sup>Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, ANLIS, Malbrán, CABA.  
e-mail: lmdbsas2003@yahoo.com.ar

El gen *ELN* está localizado en la región de delección del Síndrome de Williams (SW). La delección de *ELN* es causante de la estenosis supra valvular aórtica, característica típica del fenotipo y la principal causa de morbilidad y mortalidad. Si bien, todos los pacientes con SW tienen delección de *ELN*, el fenotipo cardiovascular es muy variable en cuanto a su gravedad y más del 20% de los pacientes no lo presentan. El objetivo fue investigar variantes en el gen *ELN* que pudieran estar implicadas en la variabilidad genética del fenotipo cardiovascular y que compensarían la dosis genética, en aquellos casos que no presentan cardiopatías. Para este estudio se secuenciaron 33 fragmentos del gen *ELN* en hemicirosis en una cohorte inicial de 25 pacientes con SW. Cada paciente fue investigado por ecocardiografía doppler color. La mayor parte de las variantes encontradas fueron de alta frecuencia, localizadas en regiones codificantes, no codificantes y 3'UTR incluyendo un par de variantes no registradas en la base de datos NCBI-SNPdb. Las variantes codificantes fueron calificadas como no deletéreas con software predictivos tales como Polyphen y SIFT. Los resultados preliminares obtenidos a la fecha no muestran correlación evidente entre variantes de *ELN* y las cardiopatías, seguimos estudiando pacientes a fin de alcanzar una muestra estadísticamente significativa. Determinar la presencia de modificadores genéticos que influyan en la expresión del gen *ELN*, o en la función de la elastina, conducirían a desarrollar estrategias terapéuticas para compensar dichos mecanismos patogénicos.

## ALGORITMO DIAGNÓSTICO DE FIBROSIS QUÍSTICA A PARTIR DE LA PESQUISA NEONATAL EN PROVINCIA DE SANTA FE

Benetti S<sup>1</sup>, P Flaherty<sup>2</sup>, A Gutierrez<sup>2</sup>, S Lejona<sup>1</sup>, E Gentini<sup>1</sup>, T Spalding<sup>1</sup>, M Wagener<sup>3</sup>, F Meneghetti<sup>3</sup>, J Ruatta<sup>3</sup>, I Lande<sup>4</sup>, L Gallardo<sup>4</sup>, L Maggi<sup>5</sup>, A Arguelles<sup>5</sup>, L Chertkoff<sup>6</sup>, P Gravina<sup>6</sup>, G Dip<sup>1</sup>, E Anchart<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Biología Molecular- Secretaria de Salud Pública – Municipalidad de Rosario, <sup>2</sup>Redes de Laboratorio - Ministerio de Salud Pública Provincia de Santa Fe, <sup>3</sup>Hospital de Niños Alassia - Ministerio de Salud Pública Provincia de Santa Fe, <sup>4</sup>Hospital de Niños V J Vilela - Secretaria de Salud Pública – Municipalidad de Rosario, <sup>5</sup>Laboratorio de Pesquisa Neonatal - Ministerio de Salud Pública Provincia de Santa Fe, <sup>6</sup>Biología Molecular- Genética, Hospital Garrahan, Buenos Aires.  
e-mail: ms.benetti@hotmail.com

Introducción: El diagnóstico de Fibrosis Quística (FQ) se basa en criterios clínicos y métodos de laboratorio. Un diagnóstico temprano permite proveer tratamiento adecuado mejorando la calidad de vida, como así también brindar asesoramiento genético a la familia. La incorporación de FQ al panel de enfermedades a pesquisar ha sido de utilidad para disminuir su subdiagnóstico. Objetivo: Evaluar la aplicación de algoritmo para diagnóstico temprano de FQ a partir de resultados elevados de tripsina inmunorreactiva (TIR) en la pesquisa neonatal (PN). Método: El algoritmo surge del consenso colaborativo e interdisciplinario entre los servicios de la Red de PN de Santa Fe y el Servicio de Genética del H. Garrahan. El mismo consiste en realizar simultáneamente *Test del sudor (TS)* y *detección 32 mutaciones del gen CFTR (ADN)* a aquellos pacientes con 2 TIR elevadas o con 1 TIR elevada sin llegar a tiempo para segunda TIR. Los métodos utilizados fueron: Elisa para TIR, Gibson y Cooke para TS y OLA Cystic Fibrosis Assay para ADN. Definición de caso de FQ: detección 2 mutaciones y/ó 2 TS positivos. Desde abril de 2013 a mayo de 2014 se realizaron 37464 estudios de PN de los cuales 32 pasaron a TS y ADN. Resultados: De los 32 pacientes estudiados se diagnosticaron 7(21,9%) para FQ. De éstos, a 5 se les detectó 2 mutaciones y tuvieron 2 TS positivos, y a 2 pacientes se les detectó 1 mutación y tuvieron 2 TS positivos. Conclusión: Este algoritmo permitió disminuir el tiempo de diagnóstico en aquellos pacientes que surgen de PN y asegurar así el acceso inmediato a servicios especializados.

## FIBROSIS QUÍSTICA. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE 381 PACIENTES Y FAMILIARES ARGENTINOS

Oller Ramírez AM<sup>1</sup>, M Melano de Botelli<sup>2</sup>, J Mugnaini<sup>1</sup>, N Guelbert<sup>1</sup>, R Dodelson de Kremer<sup>1</sup>. <sup>1</sup>CEMECO, Cátedra de Clínica Pediátrica, Facultad Cs Médicas, UNC, Hospital de Niños, Córdoba, Argentina. <sup>2</sup>Fundación para el Bienestar del Niño, Programa de Asistencia a la Fibrosis Quística.

e-mail: ramirezoller@gmail.com

**Introducción:** La Fibrosis Quística es una enfermedad autosómica recesiva causada por mutaciones en el gen Regulador de conductancia Transmembrana (CFTR). Se han identificado más de 1900 variaciones ([www.genet.sickkids.on.ca/cftr](http://www.genet.sickkids.on.ca/cftr)). **Objetivos:** 1) Establecer el espectro y frecuencia de mutaciones en el gen CFTR en pacientes FQ argentinos 2) Analizar pacientes con Diagnóstico Tardío y Fenotipos Relacionados a FQ. 3) Detectar portadores. **Pacientes:** Se definieron por clínica y 2 pruebas del sudor positivos a 138 pacientes, 8 por análisis molecular. Total: 146 FQ. Se analizó a 235 familiares. **Métodos:** Se realizó pesquisa completa de 27 exones del gen CFTR por técnicas de rastreo de alta sensibilidad. **Resultados:** Se identificaron en total 38 mutaciones (10 con porcentaje mayor al 1%). Se detectó 87.4 % de alelos mutados. Se clasificó a 22 personas según los valores de cloruros en sudor, en Valores Positivos (60 mmol/L ó >), Valores Intermedios (40-59 mmol/L) y Valores Normales (<40 mmol/L). Se detectaron 8 mutaciones leves. De las 235 personas estudiadas se detectaron 156 portadores. **Conclusiones:** Los valores positivos de cloruros en sudor confirman la enfermedad de FQ. La identificación de mutaciones leves en los 3 grupos explicaría el diagnóstico FQ tardío. Reconocer 2 mutaciones en personas con fenotipos atípicos (valores de sudor intermedios ó normales) reafirma la importancia de los análisis moleculares como herramienta diagnóstica. También esta información es crucial para el asesoramiento genético y para la aplicación de terapias moleculares específicas. **Subsidios:** Programa de Asistencia a la FQ, SECYT, PICT 2010

## ANALYSIS OF MICRORNA AND GENE EXPRESSION PROFILE IN DOWN SYNDROME CHILDREN

Zampieri BL<sup>1</sup>, JM Biselli-Périco<sup>2</sup>, MC Bürger<sup>3</sup>, JES Souza<sup>4</sup>, WA Silva<sup>5</sup>, EN Ferreira<sup>6</sup>, DM Carraro<sup>6</sup>, EM Goloni-Bertollo<sup>1</sup>, EC Pavarino<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidade de Pesquisa em Genética e Biologia Molecular - UPGEM, Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto - FAMERP, <sup>2</sup>Universidade Estadual Paulista "Júlio Mesquita Filho" - UNESP, <sup>3</sup>Laboratório de Bioinformática, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto - FMRP, Universidade de São Paulo - USP, <sup>4</sup>Instituto de Bioinformática e Biotecnologia, <sup>2</sup>Bio; Laboratório de Bioinformática, Fundação Hemocentro de Ribeirão Preto - FUNDHERP, <sup>5</sup>Laboratório de Genética Molecular e Bioinformática, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto - FMRP, Universidade de São Paulo - USP, <sup>6</sup>Hospital A.C. Camargo, Fundação Antônio Prudente - FAP, Centro Internacional de Ensino & Pesquisa.

e-mail: erika@famerp.br

Down syndrome (DS) has been associated with altered gene and microRNAs (miRNAs) expression. The expression of immune-related genes and miRNAs in DS children and a possible association between the differentially expressed genes and miRNAs were investigated. Peripheral blood mononuclear cells samples were obtained from six DS individuals and six healthy controls (ages 2-6 years). The expression of 754 mature miRNAs and 92 immune-related genes were investigated using real-time PCR arrays. All expression analyses were performed using packages available under Bioconductor project. Target prediction was performed using the software DIANA-microT-CDS 5.0. Two miRNAs (hsa-miR-452-5p and hsa-miR-668) were down-regulated and four (hsa-miR-hsa-miR-378a-3p, hsa-miR-130b-5p, hsa-miR-942 and hsa-miR-424-3p) were up-regulated and 13 genes (*BCL2*, *CCL3*, *CCR7*, *CD19*, *CD28*, *CD40*, *CD40LG*, *CD80*, *EDN1*, *IKBKB*, *IL6*, *NOS2* and *SKI*) were down-regulated and four genes (*BCL2L1*, *CCR2*, *CCR5* and *IL10*) up-regulated in children with DS. miRNAs located on chromosome 21 did not present differential expression between the groups. The target prediction analysis of the differentially expressed miRNAs revealed association between them and the differentially expressed genes involved in the immune system observed. The miRNA has-miR.378a-3p presented two target genes (*BCL2* and *CCR7*) that are consistent with the miRNA-target gene expression pattern. We conclude that DS children present miRNA and immune-related genes differentially expressed that are possibly associated. Support: FAPESP, CAPES, CNPq, FAMERP/FUNFARME.

GGM 41

## ANOMALÍAS SUBTELOMÉRICAS EN PACIENTES CON DISCAPACIDAD INTELECTUAL

Espeche L<sup>1</sup>, A Solari<sup>1</sup>, E Furforo<sup>1</sup>, P Brun<sup>1</sup>, C Sargiotto<sup>1</sup>, M Pérez<sup>1</sup>, C Montes<sup>2</sup>, R Armando<sup>3</sup>, F Villegas<sup>3</sup>, S Rozental<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro Nacional de Genética Médica- ANLIS, <sup>2</sup>División Genética Médica Hospital de Niños de la Santísima Trinidad de Córdoba, <sup>3</sup>Sección de Genética, Hospital de Niños Dr. Ricardo Gutiérrez.

e-mail: lespeche@yahoo.com.ar

La discapacidad intelectual (DI) afecta al 1-3% de la población. La determinación de la etiología es compleja y se estima que en un 50% de los pacientes no se puede establecer el diagnóstico y ofrecer un asesoramiento genético certero. En los últimos años se evidenció la importancia de las anomalías subteloméricas (AS) como causa de esta condición. Las técnicas de FISH y MLPA permiten revelar estas anomalías crípticas en aproximadamente el 5% de los pacientes con DI. El objetivo fue identificar AS en una muestra de 75 pacientes con DI y dismorfias y analizar la correlación entre los hallazgos y el fenotipo. Se utilizaron los kits comerciales de MLPA P036 y P070. En todos los casos se descartaron anomalías cromosómicas, exposición prenatal a teratógenos y causas sindrómicas o perinatales. En los casos positivos se realizó la confirmación por FISH y/o MLPA de seguimiento. Se analizaron las características clínicas empleadas en la literatura como criterios de inclusión y el fenotipo de los casos positivos. Se detectaron AS en 6/75 (8%) pacientes: deleciones en 1p (3 casos), en 4p, en 11q y una duplicación en 3p. No se observó relación entre la severidad de la DI o anomalías del crecimiento y el hallazgo de AS. La incorporación de la técnica de MLPA al protocolo de estudio de pacientes con DI permite optimizar el diagnóstico y asesoramiento genético. La presencia de dismorfias asociadas a DI sería el principal criterio de sospecha para las AS. Nuestros resultados aportan evidencias para avanzar en la descripción del cuadro clínico asociado a los desbalances detectados.





GMA

COMUNICACIONES LIBRES

# GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL



## ASOCIACIÓN DE CAMBIOS AMINOACÍDICOS DEL GEN DRB<sub>3</sub> Y MASTITIS MEDIANTE CONTEO DE CÉLULAS SOMÁTICAS

Baltian LR<sup>1</sup>, Ripoli MV<sup>2</sup>, G Giovambattista<sup>2</sup>. <sup>1</sup>FCV, UNLPam. <sup>2</sup>IGEVET-CONICET, FCV, UNLP.

e-mail: lbaltian@yahoo.com.ar

Se ha estudiado la asociación entre la estructura proteica de las moléculas del MHC, el reconocimiento y la presentación de antígenos. La intensidad de la respuesta inmune es regulada por los motivos aminoacídicos de los sitios de reconocimiento a antígenos (ARS). Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue estudiar la asociación entre dichos motivos y la resistencia/susceptibilidad a mastitis medida mediante el número de células somáticas en leche de ganado Holstein de la provincia de La Pampa. La población se dividió en: 1) grupo caso, con altos conteo de células somáticas (CCS) y presencia de mastitis (susceptible) y 2) grupo control con bajo (resistente). De 128 animales, 40 fueron tipificados para el segundo exón del gen BoLA-DRB3 mediante la técnica de secuenciación directa. De cada grupo se tomaron 20 animales. Este análisis permitió detectar 24 alelos en nuestra población. Se calcularon las frecuencias génicas de los motivos aminoacídicos de los cinco bolsillos (1, 4, 6, 7 y 9) del ARS en los dos grupos de animales. El estudio de asociación no mostró diferencias significativas entre los motivos aminoacídicos de los bolsillos 1, 4, 7 y 9 entre los grupos con alto y bajo CCS. Sin embargo, el motivo T<sup>11</sup>Y<sup>30</sup> del bolsillo 6 (presente en los alelos BoLA-DRB3 \*0601, \*0901 y \*4401) evidenció un valor significativo de OR= 0,11 (p=0,03). Esto sugiere una asociación entre dicho motivo con un menor riesgo a desarrollar mastitis. El rol del motivo aminoacídico T<sup>11</sup>Y<sup>30</sup> en la respuesta inmune de los animales que lo poseen deberá ser validado en poblaciones independientes.

## SNPS DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A PRODUCCIÓN DE LECHE EN BOVINOS HOLANDO Y CRUZAS HOLANDO X JERSEY

Raschia MA<sup>1</sup>, EL Nicolazzi<sup>2</sup>, DO Maizon<sup>3</sup>, MJ Beribe<sup>1</sup>, HA Carignano<sup>1</sup>, JP Nani<sup>4</sup>, AF Amadio<sup>4,5</sup>, MA Poli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEAF, INTA Castelar, Argentina.

<sup>2</sup>Fondazione Parco Tecnologico Padano, Via Einstein, Loc. Cascina Codazza, Lodi, Italia. <sup>3</sup>INTA, EEA Anguil, Argentina. <sup>4</sup>INTA, EEA Rafaela, Argentina. <sup>5</sup>CONICET.

e-mail: raschia.maria@inta.gob.ar

Los estudios de asociación sobre regiones/genes candidatos se basan en una hipótesis previa que sugiere un potencial rol de la región/gen en un fenotipo particular. El objetivo de este trabajo fue identificar asociaciones entre SNPs en regiones y de genes candidatos y valores de cría predichos a partir de la estimación de la producción de leche acumulada a 305 días durante la primera lactancia de bovinos Holando (H) y Holando x Jersey (HxJ). Los valores de cría se obtuvieron con el programa WOMBAT, utilizando un modelo lineal mixto considerando como efectos fijos a la raza, año de nacimiento, tambo, estación y año de inicio de lactancia y al valor genético aditivo de los animales como efecto aleatorio. El análisis de asociación se realizó mediante la estrategia FASTA del paquete GenABEL de R, utilizando la matriz de relaciones genómicas y teniendo en cuenta la estructura poblacional (animales emparentados y raza -H y HxJ). Fueron evaluados 821 animales y 10.227 SNPs (15 bloques). Doce SNPs en cuatro cromosomas se asociaron a la producción de leche ( $1,10^{-5} < \text{valores } p \text{ corregidos} < 1,0^{-4}$ ). Considerando 100 kb a ambos lados de cada uno de los SNPs significativos y utilizando el programa *Ingenuity Pathway Analysis*, seis genes cercanos a estos SNPs fueron agrupados por poseer funciones comunes. Estos resultados permitirán limitar las regiones a analizar en la búsqueda de variantes alélicas responsables de la variabilidad genética de este rasgo y la conexión funcional establecida entre los genes implicados ayudará a interpretar la interacción biológica existente entre ellos.

## FRECUENCIAS ALÉLICAS DE POLIMORFISMOS DE CALPAÍNA Y CALPASTATINA EN TERNEROS CRUZA ANGUS DEL NEA

De Biasio MB, GL Sandoval, EC Almirón, LR Jara, FA Jastrzebski.  
Servicio Veterinario de Biología Molecular. Cátedra de Bioquímica.  
e-mail: leandro\_yet@hotmail.com

En la tiernización de la carne *post-mortem* participan dos enzimas calpaína y calpastatina (CAPN y CAST). Las CAPN más activas confieren mayor terneza, mientras que las CAST con mayor actividad inhiben más a las CAPN. La detección de polimorfismos en los genes de dichas enzimas permitiría identificar animales con diferente predisposición para producir carne más tierna. Se extrajo ADN genómico (CTAB) a partir de sangre anticoagulada de 37 bovinos Brangus 7/8 de un establecimiento ganadero chaqueño. Se analizaron mediante PCR-RFLP regiones polimórficas de interés de los genes de CAPN2 (dominio de unión a  $Ca^{++}$ ) y de CAST (sustitución G  $\rightarrow$  C en región exónica), produciendo fragmentos de 1800 pb y 624 pb, que fueron digeridos por las enzimas HhaI y AluI respectivamente. Los productos obtenidos fueron separados en agarosa/bromuro de etidio y visualizados por transiluminación UV. La frecuencia del alelo que favorece la terneza en el gen de CAPN en los terneros Brangus fue de 0,31; con un 8,82% de homocigosis (ho) y 47,06% de heterocigosis (he). Los respectivos datos de CAST (alelo menos favorable) fueron: frecuencia de 0,69, ho= 44,12 y he=50%. Estos datos de CAPN2 concuerdan con los del Instituto de Promoción de la Carne Vacuna Argentina para polimorfismos del mismo gen en la Raza Aberdeen Angus. En cambio, la frecuencia alélica de CAST fue inferior, con ho menor y he mayor.

## ESTUDIO DE ASOCIACIÓN GÉNICA PARA CARACTERÍSTICAS DE PUBERTAD SEXUAL EN TOROS GUZERAT

Fernandez ME<sup>1</sup>, M Drumond<sup>2</sup>, JP Liron<sup>1</sup>, AM Loaiza Echeverri<sup>2</sup>, DE Goszczynski<sup>1</sup>, AH Falomir Lockhart<sup>1</sup>, A Rogberg Muñoz<sup>1</sup>, MRJM Henry<sup>2</sup>, DA Andrade de Oliveira<sup>2</sup>, G Giovambattista<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), CCT La Plata-CONICET-Facultad de Ciencias Veterinarias. <sup>2</sup>Escuela de Veterinaria, Universidad Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil.  
e-mail: guillermogiovambattista@gmail.com

En bovinos existen importantes diferencias intra e interraciales en la edad a la cual los toros arriban a la pubertad. Guzerá constituye una de las principales razas criadas en Brasil. El objetivo de este trabajo fue llevar a cabo un estudio de asociación de genes candidatos con la edad de inicio de la pubertad. Se seleccionaron 107 toros de tres establecimientos con fenotipos extremos para esta variable fenotípica. Se tomaron medidas repetidas de la circunferencia escrotal (CE), Motilidad espermática (M) y peso (P). Las muestras de ADN se genotificaron mediante la técnica de MALDI-TOF con la plataforma SEQUEOm para 81 SNPs ubicados en genes candidatos para pubertad sexual. Del total de genes analizados, 45 fueron polimórficos en esta raza. Para evaluar las asociaciones genéticas se utilizó la rutina *PROC MIXED* del paquete estadístico SAS incluyendo en el modelo el establecimiento y el genotipo como factores fijos, el padre como efecto aleatorio y el peso a los 360 días como covariable. El gen Tiroglubulina (TG) fue asociado significativamente con la edad estimada mediante M y CE. Además, los genes Folistatina (FST) y el Receptor de la Prostaglandina E2 (PTGER2) fueron asociados con la edad estimada por CE, mientras que los genes Sintetasa de Ácidos Grasos (FASN) y Glutación S-Transferasa P1 (GSTP1) a la edad estimada por M. Cabe destacar que los genes FST y TG fueron previamente asociados con pubertad sexual en la raza Angus.

## MAPEO FINO DE QTL QUE AFECTAN CARACTERES DE MOHAIR EN EL CHI5 EN UNA POBLACIÓN DE CAPRINOS ANGORA

Rodriguez D<sup>1</sup>, P Ragone<sup>1</sup>, EM Cano<sup>1</sup>, M Abad<sup>2</sup>, HR Taddeo<sup>2</sup>, MA Poli<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald Favret", CICVyA INTA, CC 25, B1712WAA, Castelar Argentina. <sup>2</sup>INTA EEA Bariloche, CC 277, R8403DVZ, Bariloche, Argentina.  
e-mail: canopereira.ema@inta.gob.ar

El objetivo del presente estudio fue realizar un mapeo fino en la región centromérica del cromosoma caprino (CHI) 5 con el fin de identificar las mutaciones causales asociadas a caracteres de calidad y cantidad del vellón en una población de cabras de raza Angora. Con este fin, 634 hijos pertenecientes a 14 familias de medio-hermanos paternos fueron analizados. A la edad de 4 y 11 meses, nueve medidas fenotípicas de calidad y cantidad de vellón fueron registradas. A partir de la reciente disponibilidad de la secuencia completa del genoma caprino, fueron desarrollados 13 marcadores moleculares del tipo microsatélites. En esta primer etapa, seis marcadores informativos y distribuidos en 13 cM de la región centromérica del CHI5 (INTA957, INTA177, INTA246, INTA824, FCB005, LSCV25) fueron genotipados en la población objeto de estudio. El intervalo promedio entre marcadores fue de 3,6 cM. Un análisis de ligamiento fue realizado bajo el modelo de medio-hermanos mediante el programa GridQTL (<http://sce-bio-c03269.bio.ed.ac.uk/>). El análisis permitió identificar un nuevo QTL afectando el coeficiente de variación del diámetro promedio de fibra (CVAFD) a los 4 meses de edad, ligado al marcador INTA824 próximo al gen de queratina KRT80. El valor estimado de la varianza explicada por el QTL fue de 6,76 % y el efecto del QTL expresado en desvíos estándar fenotípico, fue de 0,88. Asimismo, este estudio permitió confirmar los QTL afectando fibras meduladas kemp y peso de vellón sucio (PVS), a los 4 y 11 meses de edad respectivamente.

## QTL RELACIONADOS CON FIBRAS CAPRINAS EN EL CHI2 DE UNA RETROCRUZA ANGORA X CRIOLLO NEUQUINO

Debenedetti S<sup>1</sup>, EM Cano<sup>2</sup>, MA Poli<sup>2</sup>, HR Taddeo<sup>3</sup>.<sup>1</sup>Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca de la Nación, CC142 (8430) El Bolsón, Río Negro. <sup>2</sup>INTA-CNIA-Instituto de Genética Ewald Favret, Castelar, Buenos Aires. <sup>3</sup>INTA, EEA Greenville Morris, Bariloche, Río Negro.  
e-mail: sdebenedetti@elbolson.com

La producción de fibras caprinas es una actividad primaria relevante en la Patagonia Argentina. Tanto la cantidad como la calidad de las fibras, son caracteres complejos afectados por las interacciones entre el medio ambiente, las hormonas, factores de crecimiento y sus receptores a nivel celular. Los genes de las queratinas KRT y KAP han sido sugeridos como determinantes genéticos para su producción. El principal objetivo de este estudio fue realizar un mapeo de QTL relacionados con rasgos de Mohair y Cashmere, para detectar loci implicados en caracteres productivos. El material de estudio fue una población experimental retrocruza Angora x Criollo Neuquino de 513 individuos agrupados en cinco cohortes consecutivos. Se registró la genealogía y datos genotípicos, junto a registros productivos para la progenie a los 5 meses de edad. Se evaluaron 19 variables de fibra mediante *tests* de laboratorio estandarizados y 5 variables histológicas de piel mediante microscopía. Se utilizó un mapa de ligamiento basado en marcadores SSR para los cromosomas 1, 2, 5, 13 y 19. El análisis se realizó mediante regresión, utilizando un mapeo por intervalo compuesto. Se informan únicamente los resultados del cromosoma 2, detectándose dos QTL en dos regiones diferentes, que afectan a las variables rinde al lavado (RL) y largo de mecha (LM). LM se relaciona con una investigación anterior en una población Angora. No se han encontrado evidencias anteriores para RL. Se dará continuidad a estas evidencias mediante mapeo fino utilizando chips de SNP.

## ANÁLISIS DE CARACTERES FANERÓPTICOS Y ZOOMÉTRICOS EN CABRA CRIOLLA DE LA PAMPA DEPRIMIDA BONAERENSE

Cattaneo AC<sup>1</sup>, P Arroyo<sup>1</sup>, MS Trigo<sup>1,2</sup>, AG Antonini<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), FCV, UNLP. <sup>2</sup>Curso de Introducción a la Producción Animal, FCAyF, UNLP.

e-mail: cattaneo.ac@gmail.com

La producción caprina en la Provincia de Buenos Aires se desarrolla como un modelo de doble propósito, destinado a la producción de carne y leche, con un biotipo particular de animales logrado a partir de la cruce de individuos de raza criolla con reproductores de razas lecheras como la Saanen y Nubian. El objetivo del presente trabajo fue analizar caracteres fanerópticos y zoométricos en una población de cabras de la Pampa Deprimida bonaerense. Para ello se registraron 10 variables fanerópticas, tales como color de capa, presencia de mamelas y cuernos, etc. y se tomaron 14 medidas corporales de 59 individuos del hato caprino perteneciente a la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales de la UNLP. A partir de estos datos se calcularon 9 índices zoométricos. Con estos datos, utilizando el Análisis de Varianza del programa estadístico *STATGRAPHICS* Centurión, se pudo establecer que el resultado fenotípico es significativamente diferente para el índice Corporal (ICO) según presenten o no mamelas, siendo aquellos animales que presentan mamelas los que tienen un ICO más bajo. Asimismo, se realizó un análisis discriminante que evidenció la diferente distribución de los animales dentro de la población según la presencia/ausencia de mamelas y los índices corporal y pelviano (IPE). Aquellos animales con mamelas tienen un mayor ICO y menor valor de IPE, que estaría asociado a un menor rendimiento al momento de la faena.

## ESTUDIO PRELIMINAR DEL ORIGEN MATERNO DE OVINOS CRIOLLOS DE ARGENTINA

Peña S<sup>1</sup>, G López<sup>1</sup>, R Martínez<sup>1</sup>, D Posik<sup>2</sup>, G Giovambattista<sup>2</sup>, E Villegas Castagnasso<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora. <sup>2</sup>IGEVEV-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias-UNLP.

e-mail: sabpo3@yahoo.com.ar

Los ovinos fueron introducidos por los españoles durante la colonia, a partir del año 1525, transportados como animales de consumo en los buques desde los puertos de Sevilla, Cádiz y las Islas Canarias. Así, ingresaron a las islas del Caribe y posteriormente al continente Americano. Con el propósito de conocer los orígenes genéticos de los ovinos criollos argentinos, se muestrearon 4 poblaciones de nuestro país: Buenos Aires (BA), Corrientes (CO), Santiago del Estero (SE) y Salta (SA). Estos grupos fueron seleccionados por presentar características representativas de la raza. Las muestras analizadas corresponden a hembras adultas, tomadas al azar de cada población (nBA=20), (nCO=20), (nSE=20) y (nSA=24). Para el análisis de los matrilineajes se utilizó la región control del D-Loop mitocondrial. La extracción de ADN se realizó por método orgánico y el amplicón se obtuvo utilizando los cebadores reportados Pro y Phe. Para poder secuenciar la región control se emplearon los cebadores internos BGD y H3C. Las secuencias de ADN obtenidas se editaron utilizando el programa *ChromasPro*. El análisis de similitud se realizó mediante los programas *CLUSTALW2* y *ARLEQUIN*, incluyendo en este análisis los haplogrupos nodales ovinos (A, B y C). En contraste con lo que sucede con los bovinos, los haplogrupos ovinos tienen una mayor correlación con el sitio geográfico de origen; así este análisis preliminar permite evidenciar que las ovejas criollas presentan haplotipos que pueden incluirse en el haplogrupo B (linaje europeo), siendo concordante con el origen histórico de esta raza.

## INTERACCIÓN HUÉSPED-PARÁSITO Y RESPUESTA INMUNE EN RATONES INFECTADOS CON *Trichinella spiralis*

Codina AV<sup>1</sup>, MD Vasconi<sup>1,2</sup>, P Indelman<sup>2</sup>, A Di Martino<sup>1</sup>, RJ Di Masso<sup>1,3</sup>, LI Hinrichsen<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, UNR. <sup>2</sup>Área Parasitología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR. <sup>3</sup>CIC-UNR  
e-mail: lhinrich@unr.edu.ar

Las infecciones parasitarias son enfermedades de difícil erradicación. Se caracterizan por su cronicidad y son generalmente endémicas debido a un proceso dinámico de reinfecciones repetidas. La infección por *Trichinella spiralis* induce en el huésped una respuesta inmune local a nivel intestinal que luego se vuelve sistémica. Esta suele ser, sin embargo, insuficiente para evitar el implante de larvas infectantes. El estudio de la carga parasitaria muscular (CPr: larvas/g tejido) en el día 30 pos-infección (p-i) puso de manifiesto la susceptibilidad de la línea CBi+ (CPr=982), la resistencia de la línea CBi/L (CPr=147) y un comportamiento intermedio (CPr=371) de los cruzamientos recíprocos entre ellas. Independientemente del huésped, el estudio de las interleuquinas IL-2, IL-4, IL-10 e IFN $\gamma$  en los días 6, 13 y 30 p-i mostró un patrón combinado Th1/Th2. Con el objetivo de profundizar en los eventos inmuno-reguladores que conducen al rechazo del parásito, se estudió el comportamiento de las mismas IL en ratones (n=8) de los grupos genéticos mencionados en el comienzo de la infección (día 3 p-i). Se observaron efectos heteróticos positivos y significativos para IL-2 e IL-10 (H=79 y 87% respectivamente, P<0,01) y negativos y significativos para IFN $\gamma$  (H=67%, P<0,01). Los resultados sugieren que la F<sub>1</sub> inicia una fuerte respuesta inmune protectora temprana (perfil Th2) con el fin de lograr la expulsión parasitaria. Sin embargo, esta respuesta es rápidamente modulada en intensidad y eficacia por el parásito, favoreciendo de esta manera su establecimiento en el huésped.

## MODULACIÓN DE LA EXPRESIÓN GENÉTICA DE CYP3A EN CORTES LAMINARES HEPÁTICOS DE RATAS Y BOVINOS

Maté ML<sup>1</sup>, M Ballent<sup>1</sup>, Lifschitz<sup>1</sup>, K Larsen<sup>1</sup>, C Lanusse<sup>1</sup>, G Virkel<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Farmacología, Centro de Investigación Veterinaria Tandil (CIVETAN-CONICET), FCV-UNCPBA, Campus Universitario (7000) Tandil.  
e-mail: mlmate@vet.unicen.edu.ar

Numerosos estudios demostraron la utilidad de los cortes laminares de tejido hepático (*slices*) para el estudio de la modulación de la expresión de enzimas pertenecientes al sistema citocromo P450 (CYP). La dexametasona (DEX) es un conocido agente inductor de la expresión genética de la subfamilia CYP3A. El objetivo del presente trabajo fue valorar el efecto de la DEX sobre la expresión y la función de CYP3A23 de rata y CYP3A28 de bovino. Se prepararon *slices* hepáticos utilizando un micrótopo Brendel/Vitron®. Los cortes laminares se incubaron (12 h) en ausencia (controles) y en presencia de DEX 100  $\mu$ M en el medio de Williams E dentro de un incubador dinámico bajo una atmósfera de O<sub>2</sub>/CO<sub>2</sub>. Se determinó la viabilidad del tejido hepático por histopatología y cuantificando la actividad lactato deshidrogenasa en el medio de cultivo. En *slices* hepáticos de rata, la DEX incrementó significativamente (controles=1,0  $\pm$  0,2; tratados=3,2  $\pm$  0,9) la expresión genética de CYP3A23 (p<0,028) y una actividad enzimática dependiente de CYP3A. Sin embargo, no hubo cambios en los niveles de ARNm de los factores de transcripción que modulan la expresión de CYP3A23. Por otra parte, en los *slices* hepáticos bovinos el tratamiento con DEX no produjo cambios en la expresión de CYP3A28 ni de los factores de transcripción que modulan su expresión. Los resultados observados en el presente trabajo constituyen un aporte a la comprensión de las diferencias entre especies con respecto a la respuesta a un mismo agente modulador de las enzimas involucradas en el metabolismo hepático de xenobióticos.

## ANÁLISIS MULTIVARIADO Y FUENTES DE VARIANCIAS PARA CARACTERES PRODUCTIVOS EN POLLOS CAMPEROS

Dottavio AM<sup>1,2</sup>, SA Advínculo<sup>1</sup>, A Martínez<sup>1</sup>, JE Librera<sup>1,3</sup>, ZE Canet<sup>1,3</sup>, R Fernández<sup>1</sup>, RJ Di Masso<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias. <sup>2</sup>CIC-UNR, Universidad Nacional de Rosario. <sup>3</sup>INTA Pergamino.

e-mail: anadottavio@hotmail.com

El efecto del grupo genético (GG: Campero Casilda, Campero Pergamino y Campero INTA), del manejo de la alimentación (M: dos o tres raciones) y de la interacción (GG x M) sobre cuatro caracteres productivos (A: peso asintótico, P: proporción de pechuga, G: proporción de grasa abdominal y R: rendimiento) se evaluó con un ANOVA correspondiente a un experimento factorial 3x2. No se observaron efectos significativos sobre ninguno de los caracteres a excepción del efecto GG sobre la G ( $P=0,04$ ) lo que permite considerar a los tres genotipos como alternativas equivalentes para la producción de pollos camperos en ambas situaciones de manejo. El análisis en componentes principales (PCA) no mostró agrupamientos significativos coincidentes con los grupos evaluados. De las componentes generadas, la tercera (PC3) explicó el 24% de la variancia total, se correlacionó positivamente con P ( $r=0,69$ ;  $P<0,0001$ ) y R ( $r=0,68$ ;  $P<0,0001$ ) y no mostró asociación con A ( $r=-0,04$ ;  $P=0,737$ ) ni con G ( $r=0,02$ ;  $P=0,823$ ). La cuarta componente (PC4) explicó el 20% de la variancia total, se correlacionó negativamente con A ( $r=-0,59$ ;  $P<0,0001$ ) y positivamente con G ( $r=0,63$ ;  $P<0,0001$ ) y no mostró asociación con P ( $r=0,11$ ;  $P=0,329$ ) ni con R ( $r=-0,15$ ;  $P=0,151$ ). PCA ha sido propuesto como estrategia para generar índices biológicos de selección. La combinación de PC3 y PC4 podría utilizarse en estas aves camperas en tanto aquellas con altos valores de PC3 y bajos valores de PC4 ( $21/88=24\%$ ) presentan una combinación óptima de los cuatro caracteres ( $> P, > R, < A$  y  $< G$ ).

## MUTACIONES ASOCIADAS A RESISTENCIA A CUMAFÓS Y PIRETROIDES EN VARROA DESTRUCTOR

Quintana S<sup>1,2</sup>, G Mitton<sup>2,4</sup>, S Medici<sup>1,2</sup>, F De Piano<sup>4,5</sup>, I Pagnuco<sup>6</sup>, M Eguaras<sup>2,3</sup>, M Maggi<sup>2,3</sup>, S Ruffinengo<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular de Fares Taie, Instituto de Análisis, Rivadavia 3343, Mar del Plata, Argentina. <sup>2</sup>Centro de investigación en Abejas Sociales (CIAS), Laboratorio de Artrópodos, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. UNMdP. <sup>3</sup>CONICET, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. <sup>4</sup>Comisión de Investigaciones Científicas (CIC). <sup>5</sup>Apicultura, Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP. <sup>6</sup>Grupo de Procesamiento Digital de Imágenes, Fac. de Ingeniería, UNMdP. e-mail: biologiamolecular@farestaie.com.ar

La constante aplicación de acaricidas de síntesis para el control de *Varroa destructor*, ha ocasionado la aparición de poblaciones de ácaros resistentes a los mismos. En esta especie, se ha descrito la existencia de la mutación L925V en el gen del canal de sodio vinculada a la resistencia a piretroides, mientras que en otras especies de ácaros, se ha observado la presencia de mutaciones en el gen de la enzima acetilcolinesterasa 1 (AChE1) en relación a la resistencia al cumafós. El objetivo de este estudio, fue desarrollar una metodología de PCR en tiempo real y análisis por *High Resolution Melting* (HRM), para la detección de mutaciones en estos genes, de *V. destructor*. Se extrajo ADN de diferentes poblaciones de ácaros y las reacciones de PCR se realizaron con el intercalante *EvaGreen*. Luego de la amplificación, se efectuó una curva de HRM de 72 a 95° C. Se desarrolló una metodología de PCR en tiempo real y análisis por HRM, para la detección de la mutación L925V asociada a resistencia a piretroides y la detección de mutaciones en los diferentes exones del gen de AChE1 en muestras de ADN de *V. destructor*. En las poblaciones estudiadas, no se encontraron mutaciones. No obstante, las metodologías desarrolladas permitirán estudiar diferentes poblaciones de *V. destructor* y determinar la base genética de la resistencia a los piretroides y al cumafós. Estas nuevas herramientas, podrán ser utilizadas en futuros monitoreos de la susceptibilidad a estos acaricidas, con el fin de mejorar significativamente los planes sanitarios para el control de la varroosis en la Argentina.



GMED

COMUNICACIONES LIBRES

# GENÉTICA MÉDICA



## TLR2 19216 T/C POLYMORPHISM AND *Helicobacter pylori* INFECTION IN BRAZILIAN PATIENTS

Oliveira JG<sup>1</sup>, LT Rasmussen<sup>1</sup>, W Orcini<sup>1</sup>, SLM Payão<sup>2</sup>, PM Martinez<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Universidade do Sagrado Coração, Bauru/SP. <sup>2</sup>FAMEMA, School of Medicine, Marília/SP, Brazil.

e-mail: juliana.usc2012@yahoo.com.br

*Helicobacter pylori* (*Hp*) can produce a long-term infection of the gastric mucosa, a condition that increases the relative risk of developing various clinical disorders, such as chronic gastritis and gastric adenocarcinoma. Polymorphisms in Toll-like genes such as *TLR2* seem to play a role in susceptibility to inflammatory diseases and cancer. The aim of this study was to evaluate the association of *TLR2* 19216 T/C with the risk of *Hp* infection using the PCR-RFLP technique in 140 Brazilian individuals: 70 *Hp* positive patients (37 males and 33 females) and 70 *Hp* negative patients (28 males and 42 females). Multiple logistic regression analysis was conducted using the co-dominant, dominant and recessive models. P-values <0.05 were considered statistically significant. For the *Hp* positive group, genotypic frequencies for TT, TC and CC were 39.1, 49.3 and 11.6%, respectively, whereas allelic frequencies for T and C were 63.7% and 36.3%, respectively. For the *Hp* negative group, genotypic frequencies for TT, TC and CC were 26.9, 49.2 and 23.9%, respectively, whereas allelic frequencies for T and C were 51.5 and 48.5%, respectively. Multiple logistic regression indicated that the polymorphic variant *TLR2* 19216 CC in the co-dominant model (OR=0.48, 95% IC=0.23-0.98, p=0.04) was associated with protection to *H. pylori* infection in dyspeptic patients. Our data indicate that polymorphism in *TLR2* 19216 T/C may decrease the risk of *H. pylori* infection in the Brazilian population, reinforcing the important role of inflammatory process in gastric carcinogenesis. Financial support: FAPESP and CNPq

## INFLUENCE OF *Helicobacter pylori* AND *cagA* VIRULENCE FACTOR IN CYTOKINES EXPRESSION AND ERADICATION

Rossi AFT<sup>1</sup>, ACT Cadamuro<sup>1</sup>, JM Biselli-Périco<sup>1</sup>, AE Silva<sup>1</sup>. <sup>1</sup>UNESP, São Paulo State University, São José do Rio Preto, SP, Brazil. e-mail: rossi.anaflavia@gmail.com

*H. pylori* is the main risk factor for gastric cancer development from chronic inflammation and its eradication is a strategy to prevent malignant progression. In this study, we evaluated mRNA quantitative expression of *TNFA*, *IL1B*, *IL6*, *IL12A*, *IL2* and *TGFBRII* genes in *H. pylori*-positive (CG-*Hp*+) patients with chronic gastritis before and after eradication therapy, as the influence of *cagA* and *vacA* bacterial virulence factors. Relative quantification was performed by qPCR-real time with TaqMan<sup>®</sup> Assay using *ACTB* and *GAPDH* as reference genes, whereas bacterial genotype (*cagA* and *vacA*) was investigated by PCR. A total of 28 biopses from CG-*Hp*+ patients were evaluated before and 2-3 months after treatment. *TNFA*, *IL1B*, *IL6*, and *IL12A* showed significantly increased mRNA expression before treatment (p<0.05), although only *TNFA* reduced gene expression after eradication (p<0.001). *TGFBRII* showed low expression before treatment and an increase after eradication (p=0.023). Among the treated patients, seven remained infected and *TNFA* mRNA was still increased, while *TGFBRII* decreased. The presence of *cagA* bacterial genotype reduces significantly the expression of *IL2* (p=0.046) and *TGFBRII* (p=0.021), whereas *vacA* did not influence mRNA expression of any of the analyzed genes. Therefore, *H. pylori* infection and its *cagA* genotype change gene expression of inflammatory mediators and eradication does not completely restore the expression of these genes, although expression of *TNFA* has been reduced and *TGFBRII* increased in eradicated patients. Financial support: FAPESP, CNPq.

## POLYMORPHISM OF microRNA-196A2 AND GASTRIC CANCER RISK

Poltronieri-Oliveira AB<sup>1</sup>, JG Oliveira<sup>2</sup>, GH Rodrigues<sup>1</sup>, JM Biselli-Périco<sup>1</sup>, MA Proença<sup>1</sup>, AE Silva<sup>1</sup>. <sup>1</sup>UNESP, Universidade Estadual Paulista, São José do Rio Preto, SP, Brasil. <sup>2</sup>USC, Universidade do Sagrado Coração, Bauru, SP, Brasil.

e-mail: ayla.blanco.poltronieri@gmail.com

Single Nucleotide polymorphisms (SNPs) in genes of microRNAs (miRNAs) can interfere on their regulatory capacity of target mRNA, such as miR-196a2, involved in the progression of gastric cancer (GC). In this study we evaluated the association of miR-196a2 polymorphism (rs11614913, C>T) with cancer gastric risk in a sample of Brazilian people. A total of 365 samples of DNA extracted from peripheral blood were genotyped; of these, 218 corresponded to healthy individuals (control group; 46 ± 16 years) and 144 to GC patients (case group; 63 ± 12 years). DNA genotyping performed using the PCR-RFLP technique, and PCR products were digested by restriction enzyme MspI, resulting in fragments with 149 pb (T allele) and 125 pb (C allele). The statistical analysis was performed using the SNPStats program according to dominant, recessive and log additive models, and a multiple logistic regression analysis was performed to evaluate the association of the risk factors age, gender, alcoholism and smoking habits on GC development. The frequency of TT polymorphic genotype was higher in the GC group (18%) compared to control group (8%), thus was associated with risk to GC developing, according to recessive model (p=0.00), as well as, advanced age (p=0.00), smoking habits (p=0.03) and male gender (p=0.03). Although the rs11614913 C>T polymorphism has shown contradictory results in different types of cancer, which T allele shows both protector or risk effect, our data revealed that the TT polymorphic variant represents a risk on GC development. Financial support: FAPESP and CNPq.

## EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS ANTIINFLAMATORIAS Y PROLIFERACIÓN CELULAR EN ADENOMA Y CÁNCER COLORRECTAL

Silva AE<sup>1</sup>, M Succi<sup>1</sup>, A Caetano<sup>2</sup>, W Colaiacovo<sup>2</sup>, CF Mendiburu<sup>3</sup>, JA Thomé<sup>3</sup>, D De Santi Neto<sup>4</sup>, PM Biselli-Chicote<sup>5</sup>, EC Pavarino<sup>5</sup>, EM Coloni-Bertollo<sup>5</sup>, SM Oliani<sup>1</sup>. <sup>1</sup>UNESP, Universidade Estadual Paulista. <sup>2</sup>Centro de Endoscopia Rio Preto. <sup>3</sup>IAPC, Instituto de Anatomia Patológica e Citopatologia. <sup>4</sup>Hospital de Base, São José do Rio Preto. <sup>5</sup>FAMERP, Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto.

e-mail: anabete@ibilce.unesp.br

El cáncer colorrectal esporádico progresa del epitelio normal para adenoma (AD) y para adenocarcinoma (ADC). En este estudio fueron investigadas la expresión génica y proteica de las proteínas antiinflamatorias Anexina-A1 (*ANXA1*) y Galectina-1 (*LGALS1*) y también el índice de proliferación celular (IP) en AD y ADC colorrectal. PCR-tiempo real (*TaqMan assay*) fue utilizado para la cuantificación relativa (RQ) de los niveles de mRNA de la *ANXA1* y *LGALS1* (27AD, 43ADC y mucosa normal-MN). La inmunohistoquímica fue utilizada para evaluar la expresión proteica y para detectar el antígeno Ki-67. La expresión génica de *ANXA1* fue mayor en AD (RQ=1,11) y ADC (RQ=2,33) que en las de MN, mientras que la expresión génica de *LGALS1* se mostró elevada sólo en ADC (RQ=1,85). La comparación entre los grupos de lesión reveló que ambos genes se expresan más en ADC que en AD (P<0,05). Se observó correlación positiva entre la expresión del mRNA de esos genes tanto en AD (r=0,63) como en ADC (r=0,73). La inmunohistoquímica confirmó los datos de la expresión génica, con *ANXA1* mostrando intensa inmunomarcación en el ADC y moderada en el AD y *GAL-1*, presentando inmunomarcación moderada en ambas lesiones. El IP fue mayor en el ADC (69%) que en el AD (54%). La expresión de la *ANXA1* es elevada en la secuencia AD-ADC del cáncer colorrectal, mientras que la expresión de la *GAL-1* se encuentra elevada solo en el ADC, sugiriendo que ambas proteínas pueden estar involucradas en vías antiinflamatorias de la progresión tumoral, la cual presenta alta actividad proliferativa. Apoyo Financiero: FAPESP y CNPq.

## TLR2 POLYMORPHISM IS ASSOCIATED WITH COLORECTAL CANCER AND ENHANCES mRNA AND PROTEIN EXPRESSION

Proença MA<sup>1</sup>, JG Oliveira<sup>2</sup>, ACT Cadamuro<sup>1</sup>, PM Biselli-Chicote<sup>3</sup>, JM Biselli-Périco<sup>1</sup>, A Caetano<sup>4</sup>, W Colaiacovo<sup>4</sup>, KRM Leite<sup>5</sup>, EC Pavarino<sup>3</sup>, EM Goloni-Bertollo<sup>3</sup>, AE Silva<sup>1</sup>.<sup>1</sup>UNESP, São Paulo State University, São José do Rio Preto, SP, Brazil. <sup>2</sup>USC, Sacred Heart University, Bauru, SP, Brazil. <sup>3</sup>FAMERP, São José do Rio Preto Medical School, São José do Rio Preto, SP, Brazil. <sup>4</sup>Endoscopy Center of Rio Preto, São José do Rio Preto, SP, Brazil. <sup>5</sup>Genoa Laboratory of Human Cellular and Molecular Pathology, São Paulo, SP, Brazil.

e-mail: marcela-proenca@hotmail.com

Colorectal cancer (CRC) is one of the main inflammation-cancer association models. Polymorphisms in inflammatory genes may be interesting CRC targets. We evaluated the association of functional polymorphisms *TLR2-196to-174del*, *TLR4-1607T/C* and *TLR4+896A/G* with CRC development, and their influence on mRNA and protein expression. We genotyped 194 patients and 240 controls by PCR/RFLP. Multiple logistic regression was used to associate the polymorphisms with CRC risk. mRNA and protein expression were performed in 40 and 19 tumor samples, by qPCR and immunohistochemistry, respectively. *TLR2-196to-174del* was associated with increased CRC risk ( $p=0.038$ ), but *TLR4-1607T/C* and *TLR4+896A/G* were not. Relative mRNA quantification (RQ) showed a significant increase of *TLR2* expression (2.36) in tumor tissue when compared to adjacent normal tissue ( $p<0.0001$ ), whereas no difference was found for *TLR4*. In agreement, *TLR2* protein showed positive immunostaining in 84.2% of tumors samples and the mean optical densitometry values (157a.u.) were statistically different to the normal adjacent tissues (109a.u.,  $p<0.0001$ ). Carriers of *TLR2-196to-174del* variant had a RQ median 2.21 higher when compared with wild genotype ( $p=0.035$ ). However, there was no influence of *TLR4-1607T/C* on gene expression. The polymorphic variant *TLR2-196to-174del* is associated with increased risk for CRC development and enhances the *TLR2* mRNA expression. In addition, both *TLR2* mRNA and protein expression are increased in tumor tissue, emphasizing its important role in CRC. Financial support: FAPESP, CNPq, CAPES.

## ANÁLISIS AUTOMATIZADO DE INESTABILIDAD DE MICROSATÉLITES EN CÁNCER DE COLON POR PCR MULTIPLEX

Furfuro S<sup>1</sup>, M Marino<sup>1</sup>, L Locarno<sup>1</sup>, A Mampel<sup>2,3</sup>, R Ongay<sup>4</sup>, A Correa<sup>2</sup>.  
<sup>1</sup>Laboratorio de Análisis de ADN, Facultad de Ciencias Médicas, UNCuyo. <sup>2</sup>Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, UNCuyo. <sup>3</sup>Hospital Universitario, UNCuyo. <sup>4</sup>Servicio de Gastroenterología Hospital Italiano de Mendoza.

e-mail: amampel@hotmail.com.ar

El cáncer colorrectal (CCR) es la segunda causa de muerte por cáncer en la Argentina. Entre el 3-8% de los casos son causados por mutaciones heredables. Entre las formas clínicas más frecuentes se encuentra el Síndrome de Lynch o Cáncer Colorrectal Hereditario no polipósico (CCHNP), causado por fallas en el sistema de reparación del ADN. Esta alteración se traduce en acumulación de mutaciones y cambio en la longitud de los microsatélites, fenómeno conocido como Inestabilidad de Microsatélites (MSI). Los objetivos de este trabajo fueron: diseño y puesta en marcha del análisis de STRs, marcadores de MSI en CCR, protocolizar pautas diagnósticas para mejorar el tratamiento y fomentar el trabajo interdisciplinario para mejorar el diagnóstico, tratamiento y asesoramiento genético de familias con formas hereditarias de CCR. Se realizó la búsqueda bibliográfica y selección de marcadores útiles en la detección de MSI en CCR. Se seleccionaron los siguientes marcadores D2S123, D5S346, D17S250, que se analizaron mediante la puesta en marcha de una reacción de multiplex con *primers* fluorescentes. Otros 5 marcadores MSI se analizaron mediante un reactivo comercial (NR-21, NR-24, BAT25, BAT26, Mono-27). La corrida electroforética en un secuenciador ABI3130 permitió obtener los perfiles genéticos de las muestras de mucosa colónica sana y tumoral para cada paciente. Se analizaron hasta el momento 10 pacientes. Todos los casos analizados fueron estables. La puesta a punto de esta técnica y la alta calidad de los resultados permitirá incorporar de rutina este estudio a la detección de formas hereditarias de CCR.

## DETECCIÓN DE MUTACIONES EN EL GEN *CDKN2A* EN FAMILIAS CON MELANOMA

Giustina S<sup>1</sup>, G Salerni<sup>2</sup>, C Alonso<sup>2</sup>, A Seravalle<sup>1</sup>, SM Baquedano<sup>1</sup>, MF Gosso<sup>1</sup>, F Fay<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio CIBIC, Centro de Diagnóstico Médico de Alta Complejidad. Zeballos 249, Rosario, Santa Fe. <sup>2</sup>Diagnóstico Médico Oroño, Bvard. Oroño 1515, Rosario, Santa Fe.

e-mail: sgiustina@cibic.com.ar

Melanoma familiar (MF) es un término que hace referencia a aquellas familias en las que, en una relación de parentesco de primer grado, se presenta el melanoma en dos o más casos. El riesgo a desarrollar melanoma se hereda con un patrón de herencia autosómico dominante. En la actualidad se conocen distintos locus implicados, siendo las mutaciones en el gen *CDKN2A* las más frecuentemente asociadas con MF (20–40%). Con el objetivo de implementar una técnica específica para la identificación de mutaciones en el gen *CDKN2A* asociadas al riesgo de desarrollar MF, se puso a punto un método de secuenciación directa. Siguiendo criterios de inclusión, se reclutaron 25 pacientes con diagnóstico de MF. El ADN genómico se extrajo a partir de sangre entera utilizando un *kit* comercial. Para la reacción de PCR se utilizaron *primers* específicos para regiones exónicas e intrónicas flanqueantes del gen *CDKN2A*. Los productos amplificados fueron revelados en gel de agarosa, las bandas específicas se purificaron con columnas comerciales con posterior secuenciación y análisis bioinformático de las mismas. En un grupo de 25 pacientes con diagnóstico de MF, se halló la mutación c.301G>T en uno de ellos, siendo esta mutación la más comúnmente reportada. La identificación de mutaciones que confieren un alto riesgo para el desarrollo de melanoma resulta de fundamental importancia para la identificación de individuos en riesgo que pudieran beneficiarse con las medidas de prevención y seguimiento adecuadas (e.g. dermatoscopia digital).

## SILENCIAMIENTO GÉNICO INTRAMIOCÁRDICO MEDIANTE LA UTILIZACIÓN DE VECTORES LENTIVIRALES

Brea MS<sup>1</sup>, NG Pérez<sup>1</sup>, PE Morgan<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones Cardiovasculares (CIC), Facultad de Ciencias Médicas de La Plata (UNLP), La Plata, Buenos Aires.

e-mail: solebrea18@hotmail.com

Evidencias experimentales sugieren que la activación del receptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR) sería clave en el desarrollo de hipertrofia cardíaca patológica, de modo que el silenciamiento de su expresión podría ser de suma utilidad para el tratamiento de esta patología. Con la idea de desarrollar una herramienta específica para inhibir al EGFR miocárdico, nos propusimos producir un lentivirus de 3<sup>ra</sup> generación portador de un RNA de interferencia anti-EGFR para su uso *in vitro* e *in vivo*. Para la producción del virus se transfectaron células HEK 293T con los vectores empaquetadores y el vector silenciador y se recolectó el medio de cultivo por 72 horas. El virus (que porta el gen reportero que codifica para la proteína fluorescente roja) fue concentrado por ultracentrifugación, y se calculó su título a partir de la transducción de células HEK con diluciones seriadas, y posterior conteo de células fluorescentes. El título obtenido fue de 1x10<sup>8</sup> TU/ml. Inicialmente, la capacidad silenciadora del virus se comprobó por transfección de células HEK con un plásmido codificante para EGFR-GFP y su posterior transducción con el virus, observándose disminución de fluorescencia verde en simultáneo con aumento de la roja. Por último, para validar *in vivo* la efectividad de la técnica, se inyectó el lentivirus (o solución fisiológica como control) directamente en el miocardio de ratas Wistar. Un mes después de la inyección se comprobó por *western blots* en homogenatos de ventrículo izquierdo una reducción significativa del EGFR en las ratas inyectadas con virus *vs.* control.

## DESBALANCES GENÓMICOS COMO CAUSA DE CARDIOPATÍAS CONGÉNITAS CONOTRONCALES

Delea M<sup>1</sup>, C Martinoli<sup>2</sup>, C Picón<sup>3</sup>, ME Ponce Zaldúa<sup>4</sup>, N Tolaba<sup>5</sup>, L Dain<sup>1</sup>, Grupo Multidisciplinario para el estudio de Cardiopatías Congénitas<sup>1,2,3,4,5</sup>. <sup>1</sup>Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS. <sup>2</sup>Hospital Sor María Ludovica, La Plata, Pcia. de Buenos Aires. <sup>3</sup>Hospital Castelán, Resistencia, Chaco. <sup>4</sup>Hospital Castro Rendón, Neuquén, Neuquén. <sup>5</sup>Hospital Oñativia, Salta, Salta.  
e-mail: ldain@fbmc.fcen.uba.ar

Las cardiopatías congénitas (CC) resultan del desarrollo anómalo del corazón en el período embrio-fetal y son las anomalías congénitas más frecuentes. Su etiología es heterogénea, pero los factores genéticos serían importantes tanto en casos esporádicos como hereditarios. El objetivo de este trabajo fue caracterizar causas genéticas asociadas a CC conotroncales (CCC) en afectados provenientes de diferentes centros de referencia de nuestro país. Se incluyeron 80 pacientes entre mayo 2013 y abril 2014 con CCC de 4 hospitales: Resistencia (Chaco), La Plata (Pcia. de Bs. As.), Neuquén (Capital) y Salta (Capital). Se realizaron estudios de cariotipo por bandeado G, FISH para evaluar la delección 22q11 y MLPA (2 kits) a fin de detectar desbalances genómicos. No se observaron anomalías cromosómicas en los estudios de cariotipo entre los casos analizados. Los estudios de FISH y MLPA mostraron que 16 afectados (21%) presentaban la delección 22q11 y que 14 (18%) presentaron otra anomalía genómica. Entre éstas, los desbalances en 17p fueron los más frecuentes (5/14). La delección 22q11 se asoció significativamente con interrupción de arco aórtico (5/10;  $p=0,02$ ) y en pacientes con otra anomalía mayor asociada (8/12;  $p=0,01$ ). Sin embargo, no se la observó en ningún paciente con trasposición de grandes vasos ( $n=19$ ) y su distribución fue similar en CCC simples o complejas (con otra CC). Dada la alta frecuencia de desbalances observados y por los beneficios tanto en tiempo como en eficacia, sugerimos la realización del estudio por MLPA en pacientes con CCC.

## DISTROFIA MUSCULAR DE EMERY DREIFUSS: UNA NUEVA MUTACIÓN EN EL GEN EMD

Medina NM<sup>1,2</sup>, AL Taratuto<sup>3,4</sup>, V Zubiri<sup>5</sup>, A Uccelli<sup>5</sup>, D Gonzalez Morón<sup>1</sup>, PA Vega<sup>1</sup>, M Córdoba<sup>1,6</sup>, SA Rodriguez Quiroga<sup>1</sup>, CV Vazquez Dusefante<sup>1</sup>, MA Kauffman<sup>1,6</sup>. <sup>1</sup>Consultorio y Laboratorio de Neurogenética, División Neurología Hospital JM Ramos Mejía. <sup>2</sup>CIPYP-UBA-Hospital de Clínicas. <sup>3</sup>Instituto de Investigaciones Neurológicas FLENI. <sup>4</sup>Laboratorio de Patología Neuromuscular. <sup>5</sup>HIGA Pte. Perón de Avellaneda. <sup>6</sup>IBCN E. Robertis, UBA Medicina-CONICET.  
e-mail: genesisnan2020@gmail.com.ar

La Distrofia muscular de Emery Dreifuss (DMED) es una miopatía degenerativa severa de baja prevalencia con alta heterogeneidad genética y alélica. Caracterizada por contracturas y atrofia muscular con fallas en la conducción cardíaca; es causada por mutaciones en 3 genes: LMNA (1q22), FHL1 (Xq26) y EMD (Xq28). La mayoría de los casos afecta a EMD (~60%) que codifica a Emerina. Nuestro objetivo fue detectar la mutación responsable en 2 casos índices de DMED para establecer asesoramiento genético familiar. Estudiamos a dos varones (C1 y C2) pertenecientes a 2 familias, C1: 2 hijos, 6 hermanos (1 mujer y 4 de 5 varones afectados) y C2: 1 hijo, 7 hermanos (3 mujeres y 2 de 4 varones afectados). Se evaluó biopsia muscular: morfología e inmunohistoquímica (IHQ). A partir de ADN<sub>g</sub> de sangre analizamos por PCR-secuenciación de Sanger, los exones y las uniones intrón/exón de EMD. El estudio histológico evidenció cambios morfológicos e IHQ compatibles con DMED-LX en ambos casos. En el examen molecular revelamos en C1 la mutación *c.2T>C* y en C2 una duplicación no reportada: *c.461\_465dup (p.Y155\_G156InsCTfsX82)*, correspondiente a 5 bases en el exón 6, con CML y la aparición de un codón *stop* prematuro luego del aa 236. Encontramos la causa molecular en las 2 familias, identificando una nueva mutación en EMD que se suma a las 134 reportadas a la fecha. Estos resultados permitieron la detección precoz de afectados en cada familia, además de excluir y detectar las portadoras. Destacamos la labor interdisciplinaria y remarcamos el seguimiento de pautas previas al test molecular.

## IDENTIFICACIÓN DE MUTACIONES EN ENG Y ACVRL1 EN PACIENTES CON TELANGIECTASIA HEMORRÁGICA HEREDITARIA

Cajal AR<sup>1,3</sup>, N Bravo<sup>1</sup>, LD Costa<sup>4</sup>, MM Serra<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Unidad de Medicina Molecular y Genómica, ICBME, Hospital Italiano de Buenos Aires. <sup>2</sup>Servicio de Clínica Médica, Hospital Italiano de Buenos Aires. <sup>3</sup>Unidad HHT, Hospital Italiano de Buenos Aires. <sup>4</sup>LBAL, ICBME, Hospital Italiano de Buenos Aires.

e-mail: andrea.cajal@hospitalitaliano.org.ar

La Telangiectasia Hemorrágica Hereditaria (HHT) es un desorden autosómico dominante caracterizado por epistaxis, telangiectasias mucocutáneas y malformaciones arteriovenosas (MAVs) en pulmón, hígado, tracto gastrointestinal y SNC. Mutaciones en ENG y ACVRL1 generan HHT tipo 1 y 2. Se analizó por PCR y secuenciación, los exones de ACVRL1 y ENG en 39 pacientes con HHT (2-4 criterios). Las variantes *missense* no reportadas se analizaron con SIFT y PolyPhen. Se detectaron mutaciones en el 56% [IC 95%: 40-73] de los casos (variantes patogénicas y de significancia incierta probablemente patogénicas). El 36% [IC 95%: 15-58] corresponden a mutaciones en ENG (HHT1) y el 64% [IC 95%: 42-85] a ACVRL1 (HHT2). Cuando los pacientes (n=33) fueron estratificados por el número de criterios, la eficiencia de detección de mutaciones varió entre 64% [IC 95%: 46-81] para aquellos con 3 o 4 criterios y 76% [IC 95%: 56-96] cuando se consideran individuos con 4 criterios. La diferencia entre la eficiencia calculada y las reportadas (72% para 3-4 criterios) pueden deberse a una sobreestimación en el reporte de los hallazgos clínicos. De las 22 mutaciones (*missense*, *splice-site* y *frameshift*) 5 fueron novel. El uso de MLPA y secuenciación de SMAD4 podría resolver más de un 10% de los casos negativos. Sin embargo, otros loci estarían involucrados. HHT2 resultó ser más frecuente que HHT1, siendo similar a otras poblaciones latinas (España, Italia y Francia). El diagnóstico genético en pacientes con HHT es útil para la identificación de personas pre-sintomáticas, particularmente niños y jóvenes.

## REPORTE DE CASO: DESCRIPCIÓN DEL FENOTIPO EN UNA PACIENTE CON SÍNDROME DE USHER (USH) TIPO 1D (USH1D)

Peñaloza-Mantilla CA<sup>1</sup>, GA Contreras-García<sup>1,2</sup>, DL Castro-Rojas<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad Industrial de Santander. <sup>2</sup>Hospital Universitario de Santander.

e-mail: camilo\_2505@hotmail.com

El síndrome de Usher (USH) es un desorden autosómico recesivo, clínica y genéticamente heterogéneo, caracterizado por hipoacusia neurosensorial y retinitis pigmentosa (RP) progresiva. Su prevalencia varía de 3,2 a 6,2 por 100.000 habitantes. Existen 3 subtipos clínicos: USH1, USH2 y USH3. El USH1 se caracteriza por hipoacusia congénita severa, ausencia de respuesta vestibular y aparición de RP en la 1<sup>ra</sup> a 2<sup>da</sup> década de vida. Han sido relacionados 5 genes, de los cuales, MYO7A, CDH23 y PCDH15, se han identificado hasta en 70% de los afectados. Caso Clínico: Paciente de padres no consanguíneos. Antecedente de ligero retraso en hitos del desarrollo. A los 12 meses de edad se diagnostica hipoacusia neurosensorial profunda, recibe implante coclear a los 32 meses. A los 4 años presenta nictalopía y disminución de agudeza visual, se confirma RP por electroretinograma. Valoración por genética considera diagnóstico de USH1, teniendo en cuenta algoritmo diagnóstico se solicita estudio molecular para MYO7A siendo negativo. Posteriormente solicita CDH23, confirmando mutación heterocigota compuesta: c.1134+1G>C/c.6060dupC ya reportada en la literatura. La presencia de hipoacusia congénita y RP en la primera década de vida, asociado al antecedente de leve retraso en los hitos del desarrollo, relacionado con disfunción vestibular temprana, confirman diagnóstico clínico de USH1. El estudio de ésta y otras patologías monogénicas, siguiendo un algoritmo diagnóstico, logra disminuir tiempo y costos, facilitando la adecuada asesoría genética.

## NUEVA RAMA DE FAMILIA CON CMTX1 Y 2 MUTACIONES DIFERENTES EN GJB1/CX32 TIENE LA VARIANTE SIN SENTIDO

Pintos SV<sup>1,5</sup>, OE Iguzquiza<sup>2</sup>, DA Akkad<sup>3</sup>, CM Correa<sup>4,5</sup>, GM Silenzi Usandivaras<sup>4,5</sup>, TA Antelo<sup>5</sup>, J Kötting<sup>3</sup>, WM Gerding<sup>3</sup>, JT Epplen<sup>3</sup>, RD Carrero Valenzuela<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Orientación Biología del Departamento Biomédico, Facultad de Medicina de la UNT, Tucumán, Argentina.

<sup>2</sup>Orientación Neurología del Departamento de Clínica Médica, Facultad de Medicina de la UNT, Tucumán, Argentina. <sup>3</sup>Humangenetik, Ruhr-Universität Bochum, Alemania. <sup>4</sup>Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina. <sup>5</sup>Orientación Genética del Departamento Biomédico, Facultad de Medicina de la UNT, Tucumán, Argentina.

e-mail: roque.carrero@gmail.com

La neuropatía hereditaria sensitivo-motriz o enfermedad de Charcot-Marie-Tooth por mutaciones de GJB1/Cx32 -el gen de la conexina 32 en Xq13.1 (CMTX1, OMIM 302800), da cuenta del 10-20% de las neuropatías desmielinizantes hereditarias: solamente CMT1A es más frecuente. Previamente, la investigación de 2 ramas de una familia tucumana que ha segregado la enfermedad durante 4 generaciones, demostró una sustitución diferente de la citosina 383 -c.383C>T (p.128S>L) y c.383C>A (p.128S>X) en cada una. A fin de evidenciar la secuencia temporal en la que ambas mutaciones ocurrieron, se logró acceder a una tercera rama de la familia en estudio e investigarla molecularmente. Previo consentimiento informado, se extrajo orgánicamente ADN genómico de sangre periférica de todos los involucrados mayores de edad, 2 varones afectados (uno de ellos con complicaciones encefálicas inicialmente diagnosticadas como encefalomiелitis diseminada aguda), 2 portadoras obligatorias, 3 posibles portadoras y el hermano sano de 2 de éstas, y se lo remitió a Bochum para secuenciamiento directo del exón 2 y regiones adyacentes de GJB1/Cx32. Se encontró la sustitución sin sentido c.383C>A (p.128S>X) en hemicigosis en ambos afectados, y en heterocigosis en las 5 mujeres estudiadas. El hecho que la presenten 2 de 3 ramas derivadas de la segunda generación implicaría que en esta familia la sustitución sin sentido es la mutación ancestral, a menos que ambas sustituciones hayan ocurrido en el individuo I.1 y pasado a distintos hijos.

## SÍNDROME DE BARTSOCAS PAPAS EN UNA RECIÉN NACIDA

Lovaisa M<sup>1,3</sup>, V Cavoti<sup>2</sup>, M Rittler<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Sección Genética Médica, Hospital Materno Infantil Ramón Sarda, Buenos Aires. <sup>2</sup>Unidad Anatomía Patológica, Hospital Materno Infantil Ramón Sarda, Buenos Aires.

<sup>3</sup>Centro Nacional de Genética Médica, Buenos Aires.

e-mail: milymun@hotmail.com

El síndrome de Bartsocas Papas (SBP), autosómico recesivo, es una forma severa de pterigium poplíteo causado por una mutación homocigota del gen RIPK4 que interviene en la diferenciación de los queratinocitos. Se caracteriza por pterigia, fisuras orales, sindactilias y letalidad precoz. Se sugirió una expresión más leve en heterocigotas. Objetivo: presentar una recién nacida (RN) con SBP, la posible expresión en heterocigotas y resaltar las semejanzas en piel con otros cuadros. Caso clínico: Se trata de la segunda gesta de una pareja no consanguínea con un aborto en común y un hijo con polidactilia del pulgar por vía materna. Cesárea a las 39 semanas, peso 3000 g. Presentó fisura facial abarcando labio superior y nariz y microftalmia. Piel con milium, alopecia parcial, ausencia de cejas y pestañas. Ausencia de dedos y ortijos. Pterigium poplíteo y crural. Dermis papilar adelgazada, reticular densa y fibrosa. Escasos folículos pilosos, ausencia de células de la matriz folicular. Placenta y cordón con esfacelo y necrosis del amnios. A los pocos minutos de vida, presentó cianosis, no se pudo intubar y falleció. Autopsia: pulmones pequeños, no hipoplásicos sin otras malformaciones. Se diagnosticó SBP. Se guardó ADN. Este es el primer caso de SBP reportado en Argentina. De diagnóstico clínico pero el estudio molecular contribuiría a identificar la mutación responsable y a definir si la polidactilia en el hermano podría representar una forma de expresión heterocigota. Las semejanzas en piel con cuadros asociados a bridas amnióticas sugieren una relación aún por definir.

## VARÓN 46, XX: ANOMALÍAS DEL DESARROLLO SEXUAL TESTICULAR. A PROPÓSITO DE UN CASO

Ercoli G<sup>1</sup>, M Fernández<sup>1</sup>, P Granados<sup>1</sup>, M Reyes<sup>2</sup>, V Bustos<sup>3</sup>, G Mercado<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro Nacional de Genética Médica. <sup>2</sup>Centro de Estudios Genéticos.

<sup>3</sup>Servicio de Endocrinología, Hospital General de Agudos "Dr. Cosme Argerich".

e-mail: gabrielercoli312@hotmail.com

La anomalía del desarrollo sexual testicular ADST OMIM ID #400045, varones con cariotipo 46, XX; presenta una incidencia de 1/20.000 recién nacidos. En el 90% de los casos se origina por una alteración en el *Crossing Over* en meiosis paterna formando espermatozoides con un cromosoma X portador del gen SRY. El 10% restante, presenta SRY negativo OMIM ID 278850 y su origen no se logra explicar por ese mecanismo. Desde el punto de vista clínico se caracterizan por desarrollo mental normal, baja talla, genitales externos normales o ambigüedad genital, hipospadias y criptorquidia. En la pubertad pueden presentar hipogonadismo, ginecomastia y esterilidad. El diagnóstico se establece por una combinación entre el fenotipo clínico, los dosajes hormonales, cariotipo, estudio molecular del gen SRY y otros marcadores de Cromosoma Y. Caso Clínico: Individuo de 46 años de edad, derivado para su estudio por hipogonadismo hipergonadotrófico y esterilidad. El mismo presenta fenotipo masculino, ginecomastia bilateral Tanner 2, escaso vello púbico y axilar, ausente en torso y rostro, con pene y testículos pequeños. Se descartó patología hipotálamo-hipofisaria y suprarrenal. El cariotipo fue 46, XX; con estudio molecular positivo para el gen SRY y marcadores de Yq ausentes. El individuo es un varón XX por translocación del gen SRY al cromosoma X, como mecanismo más probable. Enfatizamos el diagnóstico y tratamiento precoz del aspecto endocrinológico y las patologías asociadas.

## MODO DE HERENCIA DE LA VARIANTE-493 DEL GEN MTP EN RELACIÓN CON HÍGADO GRASO NO ALCOHÓLICO EN DMT2

Mondaca JM<sup>1</sup>, I González<sup>1</sup>, A Palavecino Nicotra<sup>1</sup>, S Siewert<sup>1</sup>, G Fernández<sup>1</sup>, MS Ojeda<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Diabetes, Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis.

e-mail: magali\_289@hotmail.com

El Hígado Graso no Alcohólico (HGNA) es una enfermedad caracterizada por acumulación de ácidos grasos y triglicéridos en las células hepáticas. El HGNA afecta aproximadamente un 70-90% a personas con Diabetes Mellitus Tipo 2 (DMT2). El desarrollo de HGNA se asocia con disminución en la actividad de MTP (*Microsomal Triglyceride Transfer Protein*) que facilita la salida de lípidos del hígado. El polimorfismo más estudiado del gen MTP es el -493 G/T. Objetivo: Determinar el modo de herencia del polimorfismo -493 G/T del gen MTP y evaluar marcadores enzimáticos en diabéticos y controles. Se estudiaron 123 muestras de ADN, 75 pacientes diabéticos y 48 no diabéticos (Co). Los marcadores hepáticos que se analizaron fueron: Fosfatasa, GOT, GPT y  $\gamma$ -GT. Los genotipos se identificaron por el método de la Tetra Primer ARMS-PCR. Se determinaron las frecuencias alélicas y genotípicas y 4 modelos de herencia: Dominante, Codominante, Recesivo y Sobredominante mediante el estadístico *SNPStats on line*. Los valores de los marcadores hepáticos fueron mayores en los diabéticos que en Co: Fosfatasa ( $p < 0,0001$ ), GOT, GPT y  $\gamma$ -GT ( $p = 0,0006$ ). El modo de herencia que más se ajusta a este polimorfismo es el Sobredominante con un OR (95% CI) 3,25 (1,48-7,10)  $p = 0,0023$ . El polimorfismo -493 G/T del gen MTP está asociado con marcadores biológicos de esteatosis hepática, observándose un incremento en los DMT2 lo que indicaría una mayor susceptibilidad a desarrollar esta patología. El modelo herencia determinado es el Sobredominante.

## ASOCIACIÓN DE HAPLOTIPOS DE LOS POLIMORFISMOS FABP-2 Y PPAR- $\gamma$ Y DISLIPEMIA EN DIABETES TIPO 2

Siewert S<sup>1</sup>, II Gonzalez<sup>1</sup>, MF Olmos Nicotra MF<sup>1</sup>, S Filipuzzi<sup>2</sup>, MS Ojeda<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Diabetes, Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis. <sup>2</sup>Hospital de Santa Rosa del Conlara, San Luis. Provincia de San Luis.

e-mail: ssiewert@unsl.edu.ar

Diabetes Mellitus tipo 2 (DMT2) se caracteriza por una dislipemia, su causa exacta es desconocida. En esta patología, la genética, juega un papel importante en la homeostasis de los lípidos siendo los genes FABP-2 y PPAR- $\gamma$  los más involucrados. Objetivo: Evaluar la asociación entre los SNPs y haplotipos específicos de los genes FABP-2 y PPAR- $\gamma$  con el perfil lipídico de diabéticos tipo 2, en una población de Santa Rosa del Conlara, San Luis, Argentina. Se estudiaron 192 individuos (92 no diabéticos y 100 diabéticos). Los polimorfismos (SNPs) de FABP-2 (rs1799883) y de PPAR- $\gamma$  (rs1801282) fueron genotipificados mediante PCR-RFLP y Tetra Primer ARMS-PCR, respectivamente. La frecuencia del alelo Thr54 de FABP-2 no mostró diferencias entre controles y DMT2, mientras que la frecuencia alelo Ala12 de PPAR- $\gamma$  mostró diferencias significativas entre controles y DMT2 (0,26 y 0,14, respectivamente,  $p=0,0031$ ). Las frecuencias haplotípicas de estos dos SNPs mostraron diferencias significativas entre controles y DMT2. Los análisis de haplotipos mostraron asociaciones entre el haplotipo ThrPro y los niveles de TG (OR=2,520, IC 95% =1,139-5,575,  $p=0,027$ ), CT y c-LDL (Diferencia=0,175, IC del 95% =0,068 a 0,499,  $p<0,0001$ ; Diferencia=0,052, IC 95% =0,017-0,158,  $p<0,0001$ , respectivamente), en comparación con el haplotipo AlaPro. Estos resultados demuestran que las combinaciones genéticas de los alelos de los genes FABP-2 y PPAR- $\gamma$  podrían influir en la susceptibilidad para desarrollar dislipemia en DTM2.

## SUSCEPTIBILIDAD DE PADECER DIABETES MELLITUS: ROL DE HAPLOTIPOS ADVERSOS DE FABP-2, CETP Y PPAR- $\gamma$

Gonzalez I<sup>1</sup>, MC Della Vedova<sup>1</sup>, MF Olmos Nicotra<sup>1</sup>, S Siewert<sup>1</sup>, MS Ojeda<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Diabetes, Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina.

e-mail: iigonza@unsl.edu.ar

La Diabetes Mellitus Tipo 2 (DMT2) constituye un claro ejemplo de patología poligénica o multifactorial en la cual participan varios genes de susceptibilidad o predisposición, que interactúan en forma compleja y permanente con factores ambientales. El estudio de polimorfismos de genes individuales ha mostrado resultados contradictorios en su asociación con DMT2, tal es el caso de los genes FABP-2, CETP y PPAR- $\gamma$ . En trabajos previos de nuestro laboratorio, no se encontró asociación individual de estos polimorfismos con esta patología. Objetivo: estimar las frecuencias de haplotipos y analizar su asociación con DMT2. El ADN fue extraído de sangre total. La genotipificación de los polimorfismos de FABP-2 (rs1799883 - Ala54Thr), CETP (rs708272 - B1/B2) se realizó mediante PCR-RFLP y el de PPAR- $\gamma$  (rs1801282 - C/G) por Tetra Primer ARMS-PCR. El paquete estadístico usado fue SNPStat. Se identificaron 6 haplotipos con una frecuencia mayor del 1% en el total de la población estudiada, siendo el haplotipo Ala C B1 el más frecuente (36,8%). Respecto a los diferentes haplotipos estimados, Thr C B1 y Ala G B1 se encontraron significativamente aumentados en DMT2 cuando se compararon con el haplotipo más frecuente ( $p=0,012$  y  $p=0,02$ , respectivamente). Este es el primer estudio de estas características que se realiza en nuestro medio y nos permite inferir que los haplotipos con una combinación de alelos adversos de los polimorfismos de FABP-2, CETP y PPAR- $\gamma$  pueden influir en la susceptibilidad a desarrollar DMT2.

## TRASLOCACIÓN (9; 19) DE NOVO EN PACIENTE CON RETRASO MADURATIVO Y DISMORFIAS

Gil E<sup>1</sup>, L López Miranda<sup>1</sup>, MN Poli<sup>1</sup>, G Zanier<sup>1</sup>, L Francesena<sup>1</sup>, J Zanier<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Asociación de Genética Humana (AGHU), Av. Colon 3853 Mar del Plata, Argentina.

e-mail: genedg@intramed.net

Las translocaciones cromosómicas son las responsables entre otras cosas de retrasos madurativos y fenotipos peculiares. Hasta el momento la translocación 9-19 ha sido descripta únicamente en rearrreglos oncohematológicas. **Objetivo:** Presentar una paciente con una translocación de *novoo*, entre los brazos largos de los cromosomas 9 y 19 sin alteraciones oncohematológicas como motivo de estudio. **Paciente:** niña producto de 5to embarazo, de curso normal controlado nacida de termino con PN. 3440 g, hija de padres no consanguíneos, concurre a la 1er consulta a los 13 meses por retraso madurativo y facies peculiar. Presenta frente prominente con metópica prominente, pestañas largas, sinofris, orejas de baja implantación displásicas, puente nasal deprimido, nariz con punta cuadrada, narinas antevertidas, frenillo lingual corto, dentición demorada, cuello corto, manos con pads digitalis, soplo sistólico por estenosis pulmonar de rama, constipación crónica con distensión abdominal (hirschsprung?). Se realizó estudio citogenético en sangre periférica a la paciente y sus padres. **Resultados:** cariotipo del paciente: 46,XX,t(9;19)(q34.1;q12). Cariotipos paternos normales. Se realizó FISH con sondas de pintado para cromosoma 19. La descripción de las características fenotípicas, funcionales y los hallazgos evolutivos del paciente en asociación a los genes descriptos en la bibliografía (como la Enfermedad de Hirschsprung en 19q12) permiten reportar este caso que hasta el momento no fue documentado en pacientes no oncológicos.

## ANOMALÍA CROMOSÓMICA DETECTADA AL NACIMIENTO E IDENTIFICADO 30 AÑOS DESPUÉS: TRISOMÍA 8P

Tolaba NN<sup>1</sup>, SG de la Fuente<sup>1</sup>, OA Laudicina<sup>2</sup>, C Martínez Taibo<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Programa de Genética, Hospital Dr. Arturo Oñativia, Pcia. de Salta.

<sup>2</sup>Lexel SRL, División In Vitro, Pcia. de Buenos Aires.

e-mail: norma\_tolaba@hotmail.com

El estudio cromosómico por bandeado G permitió identificar material adicional ubicado en el brazo largo del cromosoma 17. El bandeado G de alta resolución reveló que el material adicional corresponde al brazo corto del cromosoma 8. Se estableció el siguiente cariotipo: 46,XY,der(17)t(8;17)(p11.21;pter)dup(8)(p11.21pter). El origen del segmento adicional fue confirmado por FISH, empleando sondas *Live* (Lexel, BsAs): pintado cromosómico 8 (wcp8+) y 17 (wcp17-). El propósito fue derivado a los 9 meses por dismorfias faciales y RMG. Primera gestación de padres no consanguíneos, EM:24; EP:28 años. En ese momento se determinó material adicional en el cromosoma 17q. Recién a los 30 años cuando fue reevaluado se logró identificar la Trisomía 8p. Examen físico actual: Turricefalia; fascie alargada; hipertelorismo; coloboma de iris; nistagmus horizontal; catarata; ceguera; puente nasal prominente; labio leporino y paladar fisurado corregidos; sin piezas dentarias; labio inferior evertido; prognatismo de maxilar inferior; orejas grandes de implantación baja con apéndice preauricular; cifoescoliosis severa dorsolumbar progresiva; miembro inferior izquierdo más corto; incurvación de tibias bilateral; manos salidas de líneas normales con dedos cortos; clinodactilia del 5º dedo; lesiones verrugosas en cuero cabelludo; hipertonia de miembros superiores e inferiores; agenesia de cuerpo calloso. No presenta lenguaje y no controla esfínteres. Se destaca la importancia de la aplicación de nuevas técnicas disponibles para reevaluar cariotipos anormales.

## ESTUDIO DE PACIENTES CON SÍNDROME DE WILLIAMS - BEUREN TRABAJO GRUPAL CON EL HOSPITAL "A. CASTELÁN"

Dellamea C<sup>1</sup>, C Picón<sup>1</sup>, G Ercoli<sup>2</sup>, G Mercado<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Hospital Pediátrico "Avelino Castelán" Resistencia, Chaco. <sup>2</sup>Centro Nacional de Genética Médica Dr. E. Castilla, Av. Gral. Las Heras 2670, CABA, Argentina.

e-mail: gnmercado2@yahoo.com.ar

El Síndrome de Williams Beuren (SWB) es la expresión genética de una microdelección 7q11.2 poco frecuente que afecta el desarrollo neurológico y presenta un fenotipo clínico característico. Se estima que en la población general ocurre 1 cada 7.500 nacimientos. Trabajamos desde el Centro Nacional de Genética Médica (CENAGEM) en forma integral con profesionales del Chaco desde el año 2008 en el estudio, diagnóstico, seguimiento y asesoramiento a familias con SWB. De un total de 15 pacientes derivados al Hospital de día Polivalente "A. Castelán" sugestivos de presentar SWB, 8 de ellos, fueron enviados al CENAGEM para confirmar el diagnóstico por la técnica de FISH, 6 fueron (+) y 2 (-). De los 6 confirmados, dos de ellos pertenecen a un caso familiar, autosómico dominante (AD) entre madre e hijo. Si bien en la mayoría de los casos reportados en la literatura son casos esporádicos, existen escasas familias con patrón de herencia (AD). El objetivo de nuestra presentación es destacar el intercambio de trabajo en equipo para poder confirmar los diagnósticos clínicos en forma grupal, con la finalidad de brindarles a las familias un asesoramiento genético y seguimiento clínico de los pacientes con SWB..

## FIBROSIS QUÍSTICA: PRESENTACIÓN DE UN CASO CLÍNICO

Martino E<sup>1</sup>, J Ruatta<sup>1</sup>, M Trioni<sup>1</sup>, S Benetti<sup>2</sup>, M Wagener<sup>3</sup>, L Trota<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Sección Gastroenterología, Laboratorio Central, Hospital de Niños Dr. Orlando Alassia, Santa Fe. <sup>2</sup>Biología Molecular, CEMAR, Rosario.

<sup>3</sup>Servicio de Gastroenterología, Hospital de Niños Dr. Orlando Alassia, Santa Fe.

e-mail: evangelinamartino@yahoo.com.ar

La Fibrosis Quística (FQ) es la enfermedad autosómica recesiva más frecuente en la población caucásica. El gen alterado está en el brazo largo del cromosoma 7 y codifica la proteína Reguladora de Conductancia Transmembrana de la Fibrosis Quística (CFTR). De la gran variedad de mutaciones conocidas, la más frecuente es la F508del. La relación genotipo-fenotipo es muy compleja y variable. Objetivo: Jerarquizar las manifestaciones clínicas y el estudio genético en un paciente con sospecha de FQ. Establecer una correlación genotipo-fenotipo. Caso Clínico: Niño de 3 meses, pecho exclusivo, anemia severa e hipoalbuminemia, edemas periféricos hepatoesplenomegalia y dermatitis perianal. Se plantea diagnóstico diferencial con insuficiencia hepática primaria, inmunodeficiencias, otras entidades clínicas y FQ. En la internación se confirma neumonía por *P. aeruginosa* y *S. maltophilia*, sepsis a *Burkholderia*, FQ del páncreas, con falla multiorgánica y posterior fallecimiento. Refiere hermano fallecido por shock séptico y neumonía por *P. aeruginosa*. Pruebas Diagnósticas: TIR: normal; Test de sudor: 1º) 112,3 meq/L y 2º) 101,4 meq/L; Elastasa 1 pancreática (ELA): <15ug/g heces; Biología molecular (OSA PCR): mutaciones F508del y 3905insT. El fenotipo de este paciente es severo, incluye grave deterioro pulmonar, infección con gérmenes característicos de FQ e insuficiencia pancreática; el genotipo muestra una mutación clase II (F508del) y la 3905insT. Cuando ambas se combinan producen Fibrosis Quística Pancreática. Hasta la fecha es la primera vez que se detecta la mutación 3905insT en nuestro medio.

## MUCOPOLISACARIDOSIS: UN CASO, UNA FAMILIA

Valdez RM<sup>1</sup>, AK Sciaini<sup>1</sup>, AB Floresta<sup>1</sup>, M Courel Rauch<sup>2</sup>, PA Rozenfeld<sup>3</sup>, HD Eiroa<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Servicio de Genética, Hospital Militar Central "Cirujano Mayor Dr. Cosme Argerich", CABA. <sup>2</sup>Servicio de O.R.L. Hospital Militar Central "Cirujano Mayor Dr. Cosme Argerich", CABA. <sup>3</sup>DIEL, LISIN, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata. <sup>4</sup>Servicio de Errores Congénitos del Metabolismo, Hospital de Pediatría S.A.M.I.C. "Prof. Dr. Juan P. Garrahan", CABA  
e-mail: ritavaldez@hotmail.com

La Mucopolisacaridosis II (MPS-II, Enfermedad de Hunter) es una patología con herencia ligada al X recesiva. La deficiencia de Iduronato-2-Sulfatasa (IDS) lleva al acúmulo de MPS en diferentes tejidos. Su curso es crónico y progresivo, con hepatoesplenomegalia, disostosis múltiple, infecciones respiratorias y en casos graves retraso neuromadurativo. Se presenta un paciente de 4 años con hepatomegalia, hipoacusia leve y fenotipo peculiar por lo que fue derivado desde O.R.L. a Genética. Tenía historia de infecciones respiratorias a repetición y distensión abdominal progresiva de tres años de evolución asociada a hernias umbilical e inguinal. Presentaba discretas dismorfias craneofaciales, moderadas limitaciones articulares, abdomen globuloso, hepatomegalia, hernias umbilical e inguinal izquierda y retraso del lenguaje expresivo. Se sospechó enfermedad por depósito lisosomal. En la genealogía se detectó un tío materno fallecido a los 21 años con diagnóstico de MPS-II. El dosaje IDS estaba reducido en el paciente y se detectó la mutación c.1433A>G (p.Asp478Gly). Inició terapia de reemplazo enzimático (TRE) con Elaprased® (Idursulfasa, Shire H.G.T.S.A.) en infusiones semanales con buena tolerancia y respuesta clínica. Se rescata la importancia del registro de antecedentes familiares en el diagnóstico de patologías multiorgánicas para la detección precoz de enfermedades lisosomales y tratamiento oportuno con TRE.

## DIAGNÓSTICO ETIOLÓGICO EN PACIENTES CON RETRASO MADURATIVO A TRAVÉS DE MICROARRAY DE ADN

Villanueva MM<sup>1</sup>, R Valdez<sup>1</sup>, AM Pantano<sup>2</sup>, AM Migliorini<sup>2</sup>, M Massaro<sup>1</sup>, S Intruvini<sup>1</sup>, C Bacino<sup>3</sup>, A Schteinschnaider<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Fundación contra la lucha de las Enfermedades Neurológicas de la Infancia, FLENI, Buenos Aires. <sup>2</sup>Laboratorio de Citogenética, Buenos Aires. <sup>3</sup>Department of Molecular and Human Genetics, Baylor College of Medicine, U.S.A.  
e-mail: mmercedes.villanueva@gmail.com.ar

La metodología de *microarray* de ADN (MADN) permite detectar microdelección y/o microduplicación hasta en el 13% de los pacientes con retraso madurativo (RM), epilepsia y/o defectos congénitos. El objetivo del trabajo es describir los elementos semiológicos y de neuroimagen que motivaron la solicitud del estudio de MADN durante el período noviembre de 2011-abril 2013. Se solicitaron MADN en 7 pacientes con RM (6 niños y 1 niña), considerando la presencia de RM moderado/severo, examen físico sugestivo de anomalía cromosómica, presencia de malformaciones mayores y que el resultado del estudio permitiera tomar decisiones reproductivas en la pareja. MADN + en 4 de los 7 niños. Tres pacientes cumplían con los 4 criterios, dos con 3 criterios y otros dos con 2 criterios. El estudio fue positivo en los 3 pacientes que presentaban los 4 criterios y en uno con dos criterios. MADN +: 3 pacientes presentaban malformaciones del SNC (dos de ellos anomalías en la tractografía), un paciente anomalía genital y cardiopatía congénita. Dos pacientes presentaban epilepsia. Al examen físico 4 pacientes presentaban dismorfias significativas, siendo en 3 pacientes positivo el estudio. La sensibilidad del estudio es alta (4/7 pacientes) cuando se solicita acorde a los criterios clínico-radiológico previamente mencionados. En las cuatro familias en las que el MADN fue positivo se modificó el asesoramiento genético previamente recibido, permitiendo la toma de decisiones reproductivas en función del diagnóstico etiológico de certeza del paciente.

## IMPACTO DEL SNP RS3957356 DEL GEN GSTA1 SOBRE EL RIESGO DE RADIOTOXICIDAD AGUDA EN CÁNCER DE MAMA

Córdoba EE<sup>1,2</sup>, MC Abba<sup>3</sup>, E Lacunza<sup>3</sup>, AM Güerci<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>IGEVET- CONICET- UNLP. <sup>2</sup>Terapia Radiante, CIO La Plata. <sup>3</sup>CINIBA- UNLP.  
e-mail: allycordoba@hotmail.com

Desde hace tiempo se ha reconocido que la variación genética contribuye con la toxicidad de los tratamientos radioterapéuticos. Se sabe que los mismos ejercen su efecto antineoplásico, en parte, por la generación de estrés oxidativo (EO). Las variaciones genéticas en enzimas relacionadas con el EO podrían influenciar en la radiosensibilidad individual. El objetivo de este trabajo fue evaluar el impacto del SNP rs3957356 del gen GSTA1 sobre el riesgo de toxicidad aguda en piel, en pacientes con cáncer de mama que recibieron radioterapia (RT). La toxicidad cutánea se puntuó de acuerdo a los criterios del RTOG en 58 pacientes tratadas con cirugía conservadora. El tratamiento se aplicó con una dosis de 50 G y fraccionada en 2 G/día con un acelerador lineal *Varian Clinac* de 4MV. La genotipificación se realizó a partir de ADN genómico, extraído de sangre periférica e hisopado de mucosa bucal, mediante el análisis de PCR-RFLP. El 74% de las pacientes manifestó radiodermatitis en algún momento del tratamiento. Las frecuencias de los alelos C y T para el gen GSTA1 en la posición 69 fueron de 0,59 y 0,41 respectivamente. No se observaron diferencias significativas entre las frecuencias genotípicas y radiotoxicidad aguda ( $p > 0,05$ ). Sin embargo, dado que el mecanismo de herencia del rasgo es multifactorial, se continuará trabajando con otros polimorfismos en el mismo gen y en otros candidatos que permitan predecir estos efectos radiotóxicos, que no solo afectan la calidad de vida del paciente, sino también comprometen la continuidad y la eficacia del tratamiento.

## RELEVAMIENTO DE LAS MALFORMACIONES CONGÉNITAS Y ENFERMEDADES GENÉTICAS EN LA PROVINCIA DE CATAMARCA

Gordillo MR<sup>1</sup>, SA Casimiro<sup>1</sup>, RM Ibarra<sup>1</sup>, JR Vergara<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca, Argentina.

e-mail: maria\_gordillo18@hotmail.com

Las anomalías congénitas (AC) son alteraciones morfofisiológicas de etiopatogenia prenatal. Afectan la salud y en general, requieren tratamiento médico. En la pcia. de Catamarca el Hospital Regional San Juan Bautista (HRSJB) registra tales patologías desde 2010. Las AC se deben a mutaciones génicas o cromosómicas, la exposición a agentes teratógenos y a genes predisponentes. La OMS prevé la atención pre-conceptiva y peri-conceptiva para la detección. Para establecer la prevalencia de las AC, y su incidencia a partir de diagnósticos realizados en Catamarca en el año 2012, se hizo un estudio transversal de registros y análisis de datos brindados por HRSJB y el Registro Nacional de Enfermedades Congénitas (RENAC). Se estudiaron los nacimientos registrados por RENAC y el diagnóstico total de AC durante ese año. En 2390 nacimientos hubo 88 casos de AC (incidencia: 3,68%). El 75% se diagnosticaron en la niñez. Las AC más frecuentes: craneocefálicas: hidrocefalia (25,7%); bucofaríngeas: labio leporino unilateral (34,3%); esqueleto: malformaciones de los pies (35,7%); cromosómicas: trisomía 21 (40%); aparato (ap) reproductor: ectopias testiculares (35,7%), no descenso unilateral del testículo (35,7%); cardiovasculares: malformaciones cardíacas (92,3%); ap. digestivo: atresia esofágica (30,7%) y estenosis hipertrófica del píloro (30,7%); ap. respiratorio atresia en coanas (33,3%), agenesia pulmonar (33,3%), hipoplasia y displasia pulmonar (33,3%). La OMS estima la incidencia de las AC a un 3,03%, más bajo que en Catamarca, lo cual puede deberse a la falta de controles peri y prenatales.

## DEFECTOS DE CIERRE DE TUBO NEURAL EN NEUQUÉN

Avila SA<sup>1,2</sup>, ME Ponce Zaldua<sup>1</sup>, J Balgane<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Hospital Provincial Neuquén.

<sup>2</sup>Universidad Nacional del Comahue.

e-mail: silvia347@gmail.com

Los Defectos de Cierre de Tubo Neural (DCTN) comprenden malformaciones del SNC como la anencefalia (AN, letal) o el mielomeningocele (MMC) generalmente asociado a hidrocefalia, trastornos motrices y morbilidad por alergia al látex. De herencia multifactorial, la incidencia varía según zona geográfica (0,8/1000 según ECLAMC). El objetivo determinar la incidencia de DCTN en el subsector público de la provincia. Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo longitudinal de los casos registrados entre 2007 y 2014 (pacientes embarazadas y recién nacidos con diagnóstico de DCTN). Sobre una media de 5000 nacimientos anuales, describimos 34 casos (0,97/1000). El área geográfica de residencia materna correspondió a zonas urbanas de la Capital y alrededores. Todos los casos de AN (19) tuvieron diagnóstico prenatal así como el 40% de los de MMC (n=15). Con diagnóstico prenatal de AN se pudo optar por adelantar el parto. El de MMC permitió desde el año 2013, emplear salas de parto, neonatología y quirófanos libres de látex. La vigilancia epidemiológica es esencial para reconocer el impacto de los factores ambientales a los que está expuesta la población así como para medir la eficacia de las medidas de prevención implementadas (suplementación con ácido fólico). La incidencia de DCTN en nuestro trabajo coincide con la del ECLAMC. El diagnóstico prenatal es una herramienta valiosa para la toma de decisiones informadas en salud tanto en casos de letalidad como en aquellos donde se requiere de la programación de los nacimientos con complejidad adicional.

## LA UNIDAD DE GENÉTICA MÉDICA EN EL HOSPITAL PEDIÁTRICO DE RESISTENCIA, CHACO

Dellamea C<sup>1</sup>, M Bidondo<sup>2</sup>, C Picon<sup>1</sup>, E Gutierrez<sup>1</sup>, C Barreiro<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Hospital Pediátrico "Avelino Castellán". <sup>2</sup>Hospital de Pediatría "J.P. Garrahan".

e-mail: agostina.c@metgroup.com.ar

El Hospital de Día Polivalente del Hospital Pediátrico "A. Castellán", maneja niños con patología compleja, incluida la patología genética. Allí funciona la Oficina de Comunicación a Distancia (OCD), que permite a través del fax, la consulta con las distintas especialidades de nuestro Centro de Referencia (Hospital Garrahan), y por otro lado con los hospitales zonales del interior de nuestra provincia. Desde el año 2005 se evalúan y consultan con el servicio de Genética del Hospital Garrahan niños con sospecha de patología genética. En el año 2008 se inició junto con el Hospital Garrahan un proyecto, cuyo objetivo era la capacitación del personal de salud de la provincia en la pesquisa de defectos congénitos. Esto trajo aparejado un incremento sustancial en la derivación de niños con sospecha de patología genética desde el interior lo que se tradujo en un marcado incremento en el número de consultas desde el Hospital Pediátrico al Hospital Garrahan, a través de OCD, no así de derivaciones a centro de mayor complejidad, dando la posibilidad a numerosas familias de un diagnóstico y asesoramiento genético, sin necesidad de traslado a la capital, estableciéndose la primer red de Genética a nivel provincial. Se realizó concomitantemente la capacitación de 2 pediatras y un bioquímico en el área. La creciente demanda motivó la formación de la Unidad de Genética Médica en octubre de 2013 y la puesta en marcha del Laboratorio de Citogenética en mayo de 2014. Entre los años 2005 y 2013 se evaluaron 1400 niños procedentes de Chaco y alrededores, con diagnóstico de certeza en un 60%.



GMI

COMUNICACIONES LIBRES

# GENÉTICA DE MICROORGANISMOS



## HERRAMIENTA MOLECULAR PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS PRODUCTORAS DE ASTAXANTINA (*Phaffia* spp.)

Colabella F<sup>1</sup>, D Libkind<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Microbiología Aplicada y Biotecnología, INIBIOMA, UNComahue-CONICET.  
e-mail: colbellaf@comahue-conicet.gob.ar

Recientemente se ha encontrado que la distribución natural de *Phaffia rhodozyma* y su diversidad genética es mucho mayor de lo que se creía. Esta levadura se explota biotecnológicamente por su exclusiva capacidad de producir el pigmento carotenoide astaxantina de aplicación en acuicultura, además del protector solar micosporina-glutaminol-glucósido. Se dificulta obtener nuevos aislamientos de *Phaffia* por su baja abundancia y la presencia de otras levaduras de apariencia similar y filogenéticamente próximas. Nuestro objetivo fue generar un cebador específico que permita identificar en forma rápida y precisa todos los linajes del género *Phaffia* y excluir a las especies relacionadas con las cuales co-habita. Para esto se diseñó un cebador de 20 nt (PhR) para ser usado en combinación con los cebadores universales ITS3 y NL4, en una amplificación multiplex. Estos cebadores hibridan en la región conservada ITS o D1D2 del ADN ribosomal, generando amplicones de diferentes tamaños (643 pb ITS3-PhR; 1155 pb ITS3-NL4). Se evaluó esta herramienta con siete cepas de *Phaffia* representativas de todos los clados reportados y dos especies del género *Cystofilobasidium* (control negativo). A pesar de su gran diversidad genética, fue posible detectar el amplicón específico para todas las cepas evaluadas, incluso dos posibles especies nuevas del género *Phaffia*. Para las especies control solo se observó el amplicón de 1155 pb. Esto evidencia que el método propuesto presenta la sensibilidad y especificidad requerida para la identificación precisa de aislamientos de levaduras del género *Phaffia*.

## GENOTOXICIDAD DE LA BENDAMUSTINA EN CÉLULAS DIPLOIDES DE *Aspergillus nidulans*

Pereira TS, JR Sant'Anna, JF Morais, JPRSA Yajima, MAA Castro-Prado. Laboratorio de Genética de Micro-organismos e Mutagênese. Universidade Estadual de Maringá, Maringá (Brasil).  
e-mail: tsuzane@gmail.com

La bendamustina es un agente alquilante utilizado en el tratamiento de diversos tipos de neoplasias, tales como leucemias, linfoma no Hodgkin y mieloma múltiple. Este antineoplásico induce daños estables en la molécula de ADN, lo que resulta en mecanismos de reparación ineficientes y alteraciones en el ciclo celular. Considerándose la participación de la recombinación mitótica en el desarrollo de neoplasias, el objetivo de este estudio fue investigar el potencial recombinogénico de bendamustina, usando el ensayo de homocigotización y una estirpe diploide heterocigota de *A. nidulans*. Este hongo posee un sistema genético bien caracterizado y sus células pasan gran parte del ciclo celular en la fase G2, en la que ocurre el *crossing over* mitótico. En todas las concentraciones de bendamustina utilizadas (6 µg/ml, 12 µg/mL y 24 µg/mL), se observó un aumento de los valores del índice de homocigotización y homocigosis en genes previamente presentes en heterocigosis. Los resultados de este estudio nos permiten caracterizar la bendamustina como promotora de malignidades secundarias en pacientes con cáncer tratados con este antineoplásico. Financiado por la CAPES.

## MARCADORES MICROSATÉLITES PARA *Colletotrichum* sp. AGENTE CAUSAL DE ANTRACNOSIS EN FEIJOA

Lopes ME, L Saifert, LJ Borsuk, GG Lombardi, RO Nodari. LFDGV-UFSC.

e-mail: morgana.lopes@hotmail.com

La feijoa (*Acca sellowiana*) una fruta de la Familia Myrtaceae, esta siendo domesticado en su centro de origen. La principal enfermedad de los frutos es la antracnosis causada por el hongo *Colletotrichum* sp. Este estudio tuvo como objetivo desarrollar una biblioteca enriquecida con microsátélites de aislados de *Colletotrichum* sp. de feijoa. Los micelios de 4 aislamientos del hongo, retirados de frutos colectados en el Estado de Santa Catarina fueron cultivados en el medio papa-dextrosa-agar. El ADN fue extraído y los fragmentos fueron transformados y clonados utilizando *Escherichia coli*, células competentes fueron seleccionadas y multiplicadas en medio de cultivo con ampicilina. Un total de 96 clones fueron secuenciados, 12 regiones que contienen marcadores microsátélites fueron identificados y los *primers* diseñados utilizando el software PRIMER3.1.0. El ADN del hongo fue extraído, cuantificado y diluido a una concentración de 10 ng.μL<sup>-1</sup>. Las reacciones de PCR fueron realizadas en volumen final de 20 μL, en las siguientes concentraciones: 20 ng de ADN; 1x tampón de NH<sub>4</sub> que contiene MgCl<sub>2</sub>; 0,15 mM de cada uno de los dNTP; 0,5 mM de cada cebador y 0,5 U de Taq ADN polimerasa, en el siguiente programa: 95° C durante 2 min; 33 ciclos de amplificación a 95° C por 1 min.; 54° C durante 30 seg.; 72° C durante 1 min y extensión final a 72° C durante 10 min. Los fragmentos de microsátélites amplificados por PCR se visualizaron en un gel de agarosa al 1,0%. Siete marcadores de microsátélites fueron amplificados y se utilizarán en las evaluaciones genéticas en feijoa. Financiamiento: CAPES e CNPq.

## IDENTIFICACIÓN Y CUANTIFICACIÓN DE *Rhizoctonia solani* AG4 HGIII EN SUELO

Taboada G<sup>1,2</sup>, Y Spedaletti<sup>1</sup>, M Aparicio<sup>1,2</sup>, C Aban<sup>1,2</sup>, D Cuellar<sup>1</sup>, G Orce<sup>3</sup>, E Harris<sup>1,2</sup>, G Mercado Cárdenas<sup>1</sup>, V Rajal<sup>4,5</sup>, M Galván<sup>1,2</sup>, <sup>1</sup>INTA EEA Salta. <sup>2</sup>CONICET. <sup>3</sup>EEAOC, Tucumán. <sup>4</sup>INIQUI, CONICET. <sup>5</sup>UNSa. e-mail: giseltaboada@gmail.com

En el noroeste Argentino (NOA) el rendimiento del cultivo de poroto se ve afectado por diversas enfermedades fúngicas, entre ellas la podredumbre radicular y mustia hilachosa causadas por *Rhizoctonia solani* (Kühn). La identificación de grupos de anastomosis (AG) es esencial para el conocimiento de la variabilidad patogénica de *R. solani* en la región. El objetivo del trabajo fue realizar la validación geográfica de cebadores específicos y poner a punto la cuantificación del patógeno en suelo mediante PCR en tiempo real. Se utilizó un par de cebadores específicos reportados para identificar *R. solani* AG4-HGIII. La especificidad se constató a través de análisis *in silico* con secuencias ITS obtenidas de aislamientos del patógeno colectados de cultivo de poroto en el NOA. Luego, se puso a punto la PCR en tiempo real para la identificación y cuantificación del hongo en suelo, además se evaluó la presencia de inhibidores del ADN extraído a partir de suelo. Se realizó la inoculación artificial de 10 muestras de suelo estéril con un número creciente de discos de 1 cm. de diámetro de un cultivo puro de 5 días de crecimiento en APG y se incubaron a 25 ± 2° C. A los 15 días se realizó la extracción de ADN y la cuantificación. Los resultados revelaron que los cebadores utilizados son eficientes para la identificación de *R. solani* AG4-HGIII a partir de muestras de suelo. Esta nueva técnica para identificar y cuantificar *R. solani* es rápida y precisa, y será una herramienta útil para futuros estudios de los AG presentes en lotes de cultivo de poroto en la región del NOA.

## REPORTE DE CASO: DETECCIÓN TEMPRANA DE GENOMA VIRAL EN ENCEFALOPATÍA POR HSV EN PEDIATRÍA Y EVOLUCIÓN CLÍNICA

Castañeira M<sup>1</sup>, E Dezán<sup>1</sup>, E Martino<sup>1</sup>, M Sosa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio Biología Molecular. Hospital de Niños "Dr. O. Alassia", Santa Fe, Argentina.

e-mail: marcastaneirao3@hotmail.com

La encefalitis en niños por Virus Herpes Simplex (VHS) es una afección grave de baja incidencia, la mortalidad sin tratamiento es del 70%. Con tratamiento la mortalidad es del 30% y un 28% queda con secuelas neurológicas. Los signos tempranos de compromiso del SNC son fiebre, dolor de cabeza, rigidez de nuca, petequias. La PCR (Reacción de polimerasa en cadena) para VHS en líquido cefalorraquídeo (LCR) es el método de elección por su sensibilidad y especificidad. Presentamos el caso de un niño de 3 meses de edad con síndrome febril sin foco de 3 días de evolución asociado a vómitos y petequias en miembros. Al ingreso en el hospital, se policultivó con resultados negativos, serología pretransfusional, tomografía axial computada, todos negativos. LCR: límpido, incoloro, glucosa: 0,45 g/l, proteínas: 0,86 g/l, leucocitos: 2/mm<sup>3</sup>. Cultivo sin desarrollo. Tratamiento empírico: ceftriaxona. Se realizó Genoma Viral Herpes 1 y 2 en LCR por PCR anidada para el Gen: Glicoproteína B (UL27) de 148 pb. Para la extracción y purificación se utilizaron columnas. Se amplificó una secuencia altamente conservada del ADN, visualizándose los amplicones en gel de agarosa al 2%. Con resultado para VHS 1 y 2 positivo. PCR para otros neurovirus negativas. A las 48 hs se informó y fue tratado con Aciclovir con buena evolución. Alta hospitalaria sin secuelas neurológicas. Esta experiencia ratifica la importancia de disponer en el hospital de técnicas de detección de genoma viral, las que permiten una reducción en el tiempo de entrega de resultados y el aporte a la evolución de los pacientes con encefalopatía.

## DETECCIÓN MOLECULAR DE BACTEROIDES Y ADENOVIRUS EN MUESTRAS DE AGUAS DE LA PROVINCIA DE SALTA

Cristobal HA<sup>1,2</sup>, ME Acevedo<sup>1</sup>, HR Poma<sup>1</sup>, VB Rajal<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI-CONICET), Salta.

<sup>2</sup>Fundación Florencio Fiorini, Buenos Aires, Argentina. <sup>3</sup>Facultad de Ingeniería. Universidad Nacional de Salta.

e-mail: hacristobal@gmail.com

En Argentina, la legislación establece la detección de indicadores bacterianos para controlar la contaminación microbiana en el agua y los alimentos. Sin embargo, éstos no predicen con precisión la presencia de patógenos humanos que constituyen un riesgo para la salud humana. Los Bacteroides son bacterias prometedoras como nuevos indicadores fecales ya que permite discriminar el origen de la contaminación fecal en fuentes de aguas. El método llamado seguimiento de fuente microbiana se basa en la detección de un marcador genético ADN ribosomal 16S específico del huésped. Los objetivos del presente estudio fueron la detección de Bacteroides y Adenovirus en las aguas de recreo de la provincia de Salta. En el año 2013, se realizó un seguimiento mensual en cuatro puntos del río Arenales, 20 litros de muestras de agua se concentraron 400 veces utilizando el método de ultrafiltración de fibra hueca. Ensayos de PCR en tiempo real se realizaron empleando sistemas Taqman para detectar Bacteroides universales (AllBac) y humanos (BacHum), y Adenovirus a partir de la extracción de ácidos nucleicos de las muestras concentradas. De 44 muestras, 18 y 24 fueron positivas para Bacteroides humanos y universales, respectivamente; y 20 fueron positivas para Adenovirus. Los resultados confirman, que actualmente el río Arenales y sus canales, presentan contaminación fecal (en su mayoría de origen humano) y presencia de virus (Adenovirus). Esto demuestra el potencial del estudio para detectar vertidos ilegales de efluentes domésticos e industriales no tratados que contaminan continuamente el río.





GMV

COMUNICACIONES LIBRES

# GENÉTICA Y MEJORAMIENTO VEGETAL



## SITUACIÓN DE LOS DESARROLLOS DE EVENTOS TRANSGÉNICOS EN INSTITUCIONES NACIONALES

Lewi DM<sup>1</sup>, F Ventura<sup>2</sup>, C Rubinstein<sup>3</sup>, C Vicién<sup>4</sup>, G Levitus<sup>5</sup>, V Pedroarias<sup>6</sup>, I Kasulin<sup>7</sup>, P Godoy<sup>8</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética E.A Favret, CICVyA, INTA. <sup>2</sup>Coordinación Nacional de Vinculación tecnológica, INTA. <sup>3</sup>ILSI Argentina. <sup>4</sup>Facultad de Agronomía, UBA. <sup>5</sup>Argenbio. <sup>6</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA. <sup>7</sup>Secretaría de Ambiente de la Nación. <sup>8</sup>Dirección de Biotecnología, MAGyP. e-mail: lewi.daliamarcela@inta.gob.ar

Es de público conocimiento que todos los eventos transgénicos que se han aprobado desde el año 1996 hasta la fecha en nuestro país fueron desarrollados por el sector privado. Asimismo, se conoce que el sistema científico y tecnológico nacional cuenta con grupos de trabajo muy prestigiosos y que algunos de ellos abordan el desarrollo de eventos transgénicos en diferentes especies y con distintas finalidades, desde hace por lo menos dos décadas. Para lograr la aprobación de un evento se debe cumplir con la normativa referente a la seguridad ambiental (CONABIA), la inocuidad alimentaria (SENASA) y la evaluación de la Dirección de Mercados, del MAGYP. El objetivo de este trabajo es conocer cuál es la dificultad por la cual aún no han podido desregularse los eventos nacionales para que puedan llegar a los productores. Países como Brasil ya cuentan con dos eventos desarrollados en Embrapa, lo que nos alienta a pensar que es posible lograr este objetivo. En INTA se ha realizado un relevamiento de las capacidades necesarias a nivel del sistema de Ciencia y Tecnología Nacional que evidencia la existencia de vacancias específicas para la realización de ensayos con el fin de armar una “hoja de ruta” para los desarrolladores que quieran emprender el camino hacia la desregulación de sus eventos. De todos modos, aún deben resolverse cuestiones de financiamiento, ya que actualmente no existen recursos designados específicamente para el desarrollo de estas actividades.

## ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES CON DATOS FALTANTES

Ibañez MA<sup>1</sup>, FM Aguade<sup>2</sup>, MA Di Renzo<sup>1</sup>, MG Balzarini<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Mejoramiento Genético, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto. <sup>2</sup>CONICET, Estadística y Biometría, Facultad Cs. Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba. e-mail: mibanez@ayv.unrc.edu.ar

La selección de genotipos en ensayos multiambientales (MET) genera bases de datos incompletas. El impacto de la falta de datos sobre parámetros genéticos se estudió mediante modelos lineales mixtos, en relación a predicciones lineales del efecto de genotipos (BLUP), varianzas de estabilidad de cada genotipo ( $SV_g$ ) y correlación genética entre ambientes ( $r_g$ ). Se usaron bases de datos reales y simuladas de MET de maíz con distintas dimensiones de tablas respecto al número de ambientes y niveles crecientes de datos faltantes (10–60%, a intervalos de 10%, tanto al azar como no al azar) por eliminación de genotipos (G) en algunos ambientes (E). En las bases de datos simuladas, el aumento de la falta de datos produjo la disminución en la  $r_g$ , la cual se incrementó cuando el número de E y la relación entre la varianza genética y de interacción fue menor. Además, se observó el aumento de la inestabilidad genotípica. Los BLUP de G fueron menos afectados que las varianzas. Se observó que, el 80% de los G identificados como superiores en las tablas completas, seguían siendo reconocidos como tales con un 20% de datos faltantes. En la base de datos reales, no se observaron impactos significativos sobre las estimaciones de  $r_g$  y  $SV_g$ , las que fueron robustas hasta con un 40% de datos faltantes. En bases simuladas de MET de trigo se evaluó el impacto de iguales niveles de datos faltantes con tablas de dos dimensiones respecto al número de E y diferentes valores de varianza de G, E e interacción, los resultados fueron consistentes a los observados en las bases de datos de maíz.

## HIBRIDACIÓN ESPONTÁNEA CULTIVO-SILVESTRE Y SU IMPACTO SOBRE LA BIODIVERSIDAD AGRÍCOLA

Poverene M<sup>1</sup>, T Vymyslicky<sup>2</sup>, JP Renzi<sup>3</sup>, V Holubec<sup>4</sup>, M Cantamutto<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Agronomía, UNSUR, CERZOS-CCT Bahía Blanca. <sup>2</sup>Res. Inst. Fodder Crops, Troubsko. <sup>3</sup>EAA INTA H. Ascasubi. <sup>4</sup>Crop Res. Inst. Praga. e-mail: poverene@criba.edu.ar

Mediante un convenio bilateral Argentina-República Checa se identificaron situaciones de flujo génico en ambos países que representan una oportunidad o una amenaza para la agricultura. En la República Checa se hallaron *taxa* vinculados a la mostaza blanca (*Sinapis* sp.), remolacha (*Beta vulgaris*), amapola (*Papaver* sp.), girasol (*Helianthus annuus*), lechuga (*Lactuca sativa*). En campo experimental se encontraron individuos fuera de tipo en las accesiones de *Aegilops* posiblemente generados a partir del cruzamiento espontáneo entre el ancestro silvestre y alguna de las especies domesticadas de trigo (*T. durum*, *T. aestivum* u otros). Se observaron poblaciones naturales de numerosas especies del género *Vicia*, que resultan de interés para la agricultura. En Argentina se identificaron condiciones de riesgo de flujo génico en *taxa* vinculados al girasol (*H. annuus*), colza (*Brassica napus*), sorgo (*Sorghum bicolor*). *Vicia* sp. se encontró desarrollando poblaciones naturales y en condiciones de cultivo. También se observaron poblaciones invasoras de *Pinus* y un pariente silvestre del trigo, del género *Elymus*. Los materiales introgresados hallados en la misión de investigación se cultivaron en campo experimental para documentar la presunta hibridación. También se analizó la existencia de rasgos de interés agrícola, como paso previo al depósito en bancos de germoplasma. Se seleccionaron unas 40 accesiones de *Vicia* en República Checa que serán evaluadas en Argentina. Se espera encontrar rasgos de interés agronómico (producción, estacionalidad, sanidad, tolerancia a estreses).

## RENDIMIENTO Y CALIDAD DE TRIGO CANDEAL (*Triticum turgidum* ssp. DURUM) EN EL SUR BONAERENSE

Larsen AO<sup>1</sup>, CA Jensen<sup>1</sup>, ML Seghezzi<sup>1</sup>. Chacra Experimental Integrada Barrow (CEI Barrow, Convenio MAA-INTA), Tres Arroyos, Prov. de Bs. As. e-mail: larsen.adelina@inta.gov.ar

El trigo candeal (*Triticum turgidum* ssp. durum) es la materia prima para la industria de pastas secas. Es importante integrar la información agronómica y de calidad obtenida de los ensayos multiambientales. Los objetivos de este trabajo fueron estimar el grado de asociación entre %Proteína y %Gluten, valores b\* de Sémola y b\* Fideo y asociar rendimiento (Rto, kg/ha) y parámetros de calidad (P.H., P.M.G., %RENDSL, b\*SL, %GLUTEN, GI y N.E.FAR) mediante análisis de componentes principales (ACP) según ambiente y variedad. Se analizaron los resultados de 2 años de ensayos en 6 ambientes (Bce, Mir, LaD, Bw, Cab y Bve) con 8 genotipos actuales (BIFAC, BTOP, BESM, BICAR, BPLA, ACA1801F, ACA1901F y BGRA). Los resultados mostraron relaciones altas y positivas entre %Gluten y %Proteína ( $r=0,93^{**}$ ;  $R^2=0,86^{**}$ ) y entre b\*Fideo y b\*Sémola ( $r=0,72^{**}$ ;  $R^2=0,52^{**}$ ). El ACP por Ambientes arrojó una correlación entre Rto y GI ( $r=0,85^*$ ) y entre éstos y %GLUTEN ( $r=-0,83^*$ ;  $r=-0,77^*$  respectivamente). Existe alta correlación entre Cab y Bve y la variable %GLUTEN. Mir, LaD y Bw poseen el mayor Rto y LaD y Bw se asocian con GI y P.M.G.. No fue posible asociar b\*SL con ningún ambiente. El ACP por Variedades halló correlaciones entre GI y Rto ( $r=-0,71^*$ ); P.H. y P.M.G. ( $r=0,69^*$ ); b\*SL y %RENDSL ( $r=-0,90^{**}$ ) y GI y N.E.FAR ( $r=0,76^*$ ). Las variedades BTOP y BICAR mostraron buen Rto y b\*SL; ACA1801F y ACA1901F se destacan por %RENDSL, P.H. y P.M.G.. BIFAC, BPLA y BGRA se asocian con altos GI y N.E.FAR. BESM se asocia negativamente con GI, lo cual señala que es un cultivar con tendencia a dar masas más débiles.

## GMV 5

**DESARROLLO DE UN MAPA GENÉTICO DE LA VARIEDAD DE TRIGO BUCK PONCHO**

Darino MA<sup>1</sup>, ME Perez Collado<sup>1</sup>, MJ Dieguez<sup>1</sup>, MF Pergolesi<sup>1</sup>, LR Ingala<sup>1</sup>, L Rochi<sup>1</sup>, F Sacco<sup>1</sup>.<sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA-INTA, CC25 (1712) Castelar, Buenos Aires, Argentina.  
email: dieguez.maria@inta.gob.ar

Buck Poncho es una variedad de trigo desarrollada en la Argentina en el año 1986 que actualmente es utilizada en los programas de mejoramiento no solo por exhibir resistencia durable a roya de la hoja del trigo sino también por sus características agronómicas, como calidad de grano y rendimiento. La construcción de un mapa genético de marcadores moleculares permite identificar marcadores no solo ligados a los genes de resistencia sino también a caracteres de interés agronómicos. Una población F9 de 96 líneas recombinantes homocigotas (RILs) del cruzamiento entre Buck Poncho X la variedad Purplestraw, susceptible a roya y de menor calidad de grano y rendimiento, fue evaluada en condiciones de invernáculo con 8 aislamientos del patógeno. Se identificaron 3 genes con efectos mayores, dos en estadio de plántula y uno de planta adulta. Evaluaciones a campo con infecciones naturales realizadas sobre la población de RILs durante tres años fueron analizadas mediante análisis de varianza seguido por contrastes ortogonales, indicaron que los tres genes de resistencia explican parte de la resistencia observada en Buck Poncho y que la interacción con genes con efectos pequeños en la resistencia y con efectos residuales de resistencia de genes mayores no detectados por las poblaciones patógenas actuales serían los responsables de la resistencia observada en Buck Poncho. Se evaluaron 52 marcadores moleculares sobre la población de RILs lográndose posicionar al menos un marcador por cromosoma e identificar marcadores ligados a los tres genes de resistencia.

## GMV 6

**TRANSFERENCIA DE RESISTENCIA A FUSARIOSIS A VARIEDADES SUSCEPTIBLES DE TRIGO CANDEAL**

Soresi DS<sup>1</sup>, D Zappacosta<sup>2</sup>, I Irigoyen<sup>2</sup>, A Carrera<sup>2</sup>.<sup>1</sup>CERZOS-CONICET, CCT-Bahía Blanca, Bahía Blanca. <sup>2</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca.  
e-mail: acarreira@criba.edu.ar

La fusariosis de la espiga de trigo (FET), causada por *Fusarium graminearum*, disminuye el rendimiento y genera granos contaminados con micotoxinas. Existe escasa variabilidad genética para resistencia en trigo candeal *T. turgidum* L. var. *durum*. Se dispone del material LDN(Dic-3A), que porta el QTL de resistencia *Qfhs.ndsu-3AS* de *T. dicoccoides*, ligado al microsatélite *Xgwm2*. El objetivo fue evaluar la estabilidad de este QTL en líneas avanzadas obtenidas de cruzamientos de LDN(Dic-3A) con Buck Esmeralda y Buck Candisur. Se obtuvieron progenies F3 que se analizaron mediante el marcador *Xgwm2* permitiendo la selección de individuos homocigotas para el alelo de resistencia. La resistencia a FET se evaluó en individuos F4 y en las variedades, mediante el porcentaje de espiguillas sintomáticas por espiga inoculada (severidad) a los 7, 14 y 21 días post-inoculación (dpi). En ambos cruzamientos, los genotipos no difirieron en severidad a los 7 y 14 dpi. A los 21 dpi, el parental susceptible incrementó significativamente el valor de severidad en comparación con el parental resistente LDN(Dic-3A) y los F4 homocigotas. Este comportamiento refleja la diferente capacidad de los genotipos para impedir el avance de la enfermedad (resistencia Tipo II). Los resultados demuestran la factibilidad de transferencia del QTL de resistencia, la efectividad de la selección basada en el análisis molecular facilitando el trabajo de mejora y la estabilidad de la expresión de la resistencia en fondo genético cultivado. Se continúa con selección molecular y fenotípica incluyendo evaluación agronómica.

## DETECCIÓN DE FUENTES DE RESISTENCIA A *Fusarium graminearum* SCHWABE. EN TRIGO (*Triticum aestivum* L.)

Gieco LC<sup>1</sup>, AA Dittrich<sup>1</sup>, MM Nisi<sup>2</sup>, M Helguera<sup>3</sup>. <sup>1</sup>INTA-EEA Paraná. <sup>2</sup>INTA-EEA Marcos Juárez. e-mail: gieco.lucracia@inta.gob.ar

El incremento estable en la productividad de un cultivo está asociado al mejoramiento genético del potencial de rendimiento. Entre los factores bióticos que pueden afectar el potencial, las enfermedades fúngicas provocan las mayores pérdidas en rendimiento. La fusariosis de la espiga (FE), causada por *Fusarium graminearum* Schwabe., está ampliamente difundida y es altamente destructiva del trigo (*Triticum aestivum* L.), afectando rendimiento, calidad e inocuidad del grano. La estrategia de control de FE más sustentable desde el punto de vista ambiental es el control genético. Existen escasas fuentes de resistencia, la mayoría provenientes del cultivar Sumai 3. Con el objetivo de determinar la base genética de la resistencia a FE del cv Pampeano, se generó una población de 133 RILs F8 con el cruzamiento de Pampeano ® y BioINTA 1005 (S), bajo la hipótesis de que el cv Pampeano posee factores novedosos de resistencia genética a FE que no derivan de Sumai 3. Para elaborar el mapa genético se genotiparon los progenitores con 428 SSR, encontrándose 144 marcadores polimórficos. Se está desarrollando el genotipado de las RILs para la posterior construcción del mapa de ligamiento. Para fenotipar las RILs se realizó un ensayo de inoculación puntal de la espiga en invernáculo. Se utilizó un DBCA con 3 repeticiones. Se registraron los porcentajes de severidad (%sev) 21 días pos inoculación. Los %sev permitieron discriminar entre RILs, por su resistencia a la dispersión del patógeno en la espiga. Este ensayo se repetirá dos veces más para la futura detección de QTLs.

## RESISTENCIA A FUSARIOSIS DE LA ESPIGA EN POBLACIÓN DE RILs DERIVADAS DE TRIGO ARGENTINO

Staltari S<sup>1</sup>, JM Costa<sup>2</sup>, MB Aulicino<sup>1</sup>, MM Astiz Gassó<sup>1</sup>, HJ Barca<sup>1</sup>, MC Molina<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, UNLP. <sup>2</sup>University of Maryland, USA. <sup>3</sup>CONICET. e-mail: sstaltari77@gmail.com

La fusariosis de la espiga de trigo (FET) es una enfermedad difundida globalmente que provoca pérdidas y contaminaciones con micotoxinas en granos y derivados. El empleo de variedades resistentes es la estrategia de control más adecuada. Existen limitadas fuentes de resistencia entre las que sobresalen las de origen asiático. Es fundamental la identificación de nuevos QTL para incorporar en materiales comerciales. El genotipo argentino AR5 posee resistencia a FET de origen diferente a la asiática. El objetivo del trabajo fue identificar y caracterizar la resistencia a FET en una población de 138 RILs derivadas del cruzamiento AR5 x SONALIKA. Mediante un DCA, se evaluó la resistencia a campo y en cámara inoculando una espiguilla central de la espiga. Las variables analizadas fueron severidad, incidencia, índice ISK, % granos dañados y contenido de DON. Con ANOVA se estimaron parámetros genéticos y con análisis de componentes principales (ACP) la importancia de las variables que discriminan las RILs. La población expresó distribución amplia y continua para todas las medidas de resistencia y el DON fue la variable de mayor heredabilidad. El ACP agrupó RILs con resistencias de diversa naturaleza y detectó qué variables poseen mayor peso en la clasificación. Las comparaciones de Dunnett's permitieron detectar RILs diferenciadas significativamente tanto del padre resistente como del susceptible. Estos resultados avalan divergencia genética entre progenitores y amplia variabilidad genética en las RILs, aspectos esenciales para la localización de QTL mediante análisis molecular.

## SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE TRIGO CON RESISTENCIA DURABLE A ROYA DE LA HOJA UTILIZANDO EL GEN LR 34

Acosta MG<sup>1</sup>, A Dittrich<sup>1</sup>, L Gioco<sup>1</sup>, HJ Milisich<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biotecnología, Genética y Mejoramiento Vegetal, INTA-EEA Paraná, Ruta 11 km 12.5, Oro Verde, Entre Ríos, Argentina.  
e-mail: acosta.maria@inta.gob.ar

El gen Lr34 confiere resistencia durable a roya de la hoja hace más de 50 años. La dificultad de seleccionar visualmente materiales portadores del Lr34, de bajo efecto fenotípico, ha impulsado la búsqueda de marcadores moleculares (MM) que posibiliten mayor eficiencia en esta tarea. Con este fin se desarrollaron MM diagnósticos y funcionales. Los primeros (csLV) se encuentran estrechamente ligados al gen, aunque revelaron ciertas limitaciones en su especificidad debido a eventos de recombinación de baja frecuencia. Los MM funcionales (MMFs) derivan de sitios polimórficos de genes que están asociados con variaciones fenotípicas y son desarrollados a partir del gen funcional. El objetivo del trabajo fue evaluar genotipos con un progenitor csLV positivo y uno csLV negativo, utilizando los MMFs. Para ello se ensayaron 352 genotipos, de los cuales 64 fueron previamente caracterizados como csLV positivos y 288 csLV negativos. Se emplearon oligonucleótidos específicos para amplificar el MMF ccssr5 y fueron seleccionados los genotipos portadores de la banda asociada a la presencia del gen. El 28% de los genotipos csLV positivos fueron ccssr5 negativos. Dentro de los genotipos csLV negativos, el 3% fueron ccssr5 positivos. Esta metodología permitió caracterizar con un marcador gen-específico la presencia del gen Lr34 en el germoplasma evaluado. Los resultados obtenidos demostraron que el empleo de los MMFs constituye una herramienta para una evaluación más precisa de una gran cantidad de genotipos y la selección de aquellos que posean el gen Lr34 con alto grado de exactitud.

## COMPARACIÓN DE DOS METODOLOGÍAS PARA MEDIR COLOR EN GENOTIPOS DE TRIGO

Misler V<sup>1</sup>, S Ureta<sup>1</sup>, R Miranda<sup>2</sup>, N Salomón<sup>1</sup>, C Delrieux<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Agronomía, UNS. <sup>2</sup>Asociación Cooperativas Argentinas. <sup>3</sup>Departamento Ing. Eléctrica y Computadoras. UNS.  
e-mail: nsalomon@criba.edu.ar

El color es uno de los 84 descriptores utilizados para diferenciar genotipos en la etapa final de un programa de mejoramiento. Lamentablemente su juzgamiento es subjetivo y muy afectado por condiciones físicas. Este trabajo muestra resultados en el análisis del color en el estado de macollaje de dos campañas, a través de 26 y 32 cultivares comerciales respectivamente de trigo sembrados en la RET. El color de referencia fue tomado con un espectrofotómetro de mesa, y las muestras a campo con una cámara digital convencional. Se trabajó en el espacio cromático YIQ que aísla la luminancia (Y) de la cromaticidad (IQ) y se utilizó esta última en el análisis. En ambas campañas se calculó el error medio entre los métodos usados, y se realizó un análisis de covarianza del error entre variables. En la campaña 2011 las tomas fueron realizadas sin tener en cuenta un blanco de referencia de buena calidad que permitiese una adecuada corrección de la temperatura cromática, por lo que hay un error sistemático hacia la zona del Q negativo (las fotografías se ven levemente viradas al magenta), lo cual es consistente con las fotografías obtenidas con cielo nublado (alta temperatura cromática). Por el contrario en la campaña 2012 se realizaron los recaudos metodológicos, y la lectura de color con espectrofotómetro no tuvo diferencias significativas con la imagen tomada con cámara digital. Se demuestra de esta manera que existe correlación entre la medición de color controlada en gabinete y la obtenible en campo y sin instrumental sofisticado, lo cual posibilita una evaluación más objetiva y rigurosa.

## EL GEN DREB-A1 Y SU RELACIÓN CON LA RESPUESTA A BAJAS TEMPERATURAS EN LINEAS DE TRIGO CANDEAL

Díaz ML<sup>1</sup>, J Basualdo<sup>2</sup>, SJ Cuppari<sup>2</sup>, I Miguel<sup>1</sup>, AD Carrera<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Sur-Dpto. Biol. Bioqca y Farm., <sup>2</sup>CERZOS (CONICET), <sup>3</sup>Universidad Nacional del Sur-CERZOS (CONICET).  
e-mail: mldiaz@criba.edu.ar

El estrés por frío induce cambios fisiológicos a través de variaciones en los perfiles de expresión de genes funcionales y reguladores. A este último grupo pertenece el factor de transcripción DREB1 (*Dehydration Responsive Element Binding*). El objetivo de este trabajo en relación al gen *DREB-A1* comprendió, i) la caracterización molecular en 12 materiales de trigo candeal y ii) el análisis de expresión en tres genotipos con distinta tolerancia a frío. En las secuencias amplificadas se identificaron los tres dominios característicos de la familia AP2/ERF: señal de localización nuclear, dominio de unión al EREBP/AP2, región rica en Ser/Thr. Se detectaron dos polimorfismos dentro del dominio EREBP/AP2. Estos no se relacionaron con la tolerancia a frío ni con el hábito de crecimiento. En el análisis de expresión mediante qPCR, los tres genotipos analizados mostraron una disminución de la expresión cuando fueron sometidos a 10° C en comparación con la temperatura inicial de 22° C (Ti); sin embargo a 4° C, todos presentaron un aumento de la expresión respecto del tratamiento a 10° C en todos los tiempos analizados (1, 2, 4 y 8 hs), siendo el genotipo invernal el que mostró el mayor incremento, alcanzando cuatro veces el nivel basal, a las 4 hs. Se concluye que la temperatura de 10° C no es inductora de la expresión de *DREB-1A* y que a 4° C la expresión se incrementa durante las cuatro horas iniciales, lo que concuerda con el perfil temporal de un gen superior en la vía de respuesta a bajas temperaturas.

## INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN TRIGO PARA FIDEOS: RELACIÓN ENTRE RENDIMIENTO Y PROTEÍNA DEL GRANO

Miravalles MT<sup>1</sup>, M. Seghezzi<sup>2</sup>, E Molfese<sup>2</sup>, V Echenique<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Dpto. Agronomía, UNS. <sup>2</sup>Chacra Experimental de Barrow. <sup>3</sup>CERZOS-CONICET.  
e-mail: echeniq@criba.edu.ar

El presente estudio exploró la relación entre el rendimiento (RG) y el porcentaje de proteína del grano (%PROT) en diez ambientes de cultivo del sur bonaerense, que se sembraron con cinco genotipos de trigo para fideos siguiendo un diseño en bloques al azar con cuatro repeticiones. Debido a las interacciones GxA que afectaron a ambos caracteres, las correlaciones entre %PROT y RG variaron significativamente entre ambientes tanto en magnitud como en signo, oscilando entre positivas y altamente significativas ( $r=0,76^{**}$ ) y negativas y significativas ( $r=-0,75^{*}$ ). Dichos coeficientes no estuvieron asociados con los niveles medios de rendimiento ( $r=-0,35ns$ ) ni de %PROT ( $r=0,02ns$ ), corroborando que los efectos de dilución, que son la principal causa de la asociación negativa entre %PROT y RG, pueden estar presentes en condiciones muy diferentes. Un análisis de regresión múltiple, determinó que la notable variación observada en los coeficientes de correlación encuadró dentro de un modelo general de respuesta de tipo polinomial, donde la temperatura media de la primera quincena de diciembre, coincidente con la última etapa del llenado, respondió por un 91% de la variación en los valores de  $r$  entre %PROT y RG ( $b_x=-3,62$ ;  $b_x^2=0,10$ ;  $R^2 Aj.=0,88$ ,  $F=35,47$   $P<0,001$ ,  $N=10$ ). Según dicho modelo el punto de inflexión de la curva se ubicó en 18,1° C ( $\pm 0,2$ ), concordando con el umbral de temperatura por encima del cual se ha considerado que cualquier reducción en la duración del período de llenado de granos no puede ser compensada con un aumento en la tasa de acumulación de almidón.

## ASOCIACIÓN DE GENES CANDIDATOS PARA CARACTERES DE INTERÉS AGRONÓMICO EN TRIGO HEXAPLOIDE

Basile SM<sup>1,4</sup>, WJ Rogers<sup>1,4</sup>, LS Vanzetti<sup>2,4</sup>, H Dalla Valle<sup>1</sup>, L Cortizo<sup>1</sup>, MC Peverelli<sup>1</sup>, JA Tognetti<sup>3</sup>, M Helguera<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Lab. Biología Funcional y Biotecnología (CICPBA-BIOLAB AZUL) CIISAS, Facultad de Agronomía-UNCPBA, Av. Rep. Italia 780, C.C. 47. CONICET-INBIOTEC. <sup>2</sup>INTA-Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez, Ruta 12 s/n (2580), Marcos Juárez, Córdoba. <sup>3</sup>Lab. Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias-UNMDP, Ruta 226 Km 73,5, Balcarce y Comisión de Investigaciones Científicas de la Pcia. de Bs As. <sup>4</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). e-mail: marisol\_basile@yahoo.com.ar

El objetivo del trabajo fue mapear por asociación QTLs relacionados con componentes de adaptación, rendimiento y calidad, utilizando un *set* de genes de función conocida a fin de poder proponer genes candidatos para dichos QTLs. En 2013 se realizó un ensayo a campo en Azul con un DBCA de 2 bloques, donde se evaluaron fenotípicamente 102 cv argentinos de trigo pan provenientes de una población de mapeo por asociación desarrollada en INTA Marcos Juárez. Los datos fenotípicos se vincularon con datos genotípicos utilizando el programa Tassel versión 3.0.168. Se analizaron en esta primera etapa 20 genes candidatos (*Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*, *Lr34*, *Lr24*, *Lr10*, *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*, *Ppd-D1*, *Ppd-B1*, *Rht-B1*, *Rht-D1*, *PinA-D1*, *Glu-A3*, *Wx-A1*, *Wx-B1*, *Vp1-B3*, *Ppo-D1* y *Ppo-A1*) en un modelo lineal mixto. Se encontraron 11 loci con efectos en 24 de los 35 caracteres medidos, de los cuáles al menos cinco loci podrían tener efecto directo en las variables fenotípicas evaluadas: *Ppd-D1* (2DS) con efecto significativo en días a espigazón y a antesis, % de proteína en grano e índice de cosecha; *Ppd-B1* (2BS) en Peso Fresco (PF) de los vástagos, altura de espigas, Peso Seco (PS) de granos entre otros; *Rht-D1* (4DS) en altura de vástagos, biomasa total, número de granos (NG) totales, peso total de granos; *Rht-B1* (4BS) en NG estimados en el resto del metro y *Vrn-A1* (5AL) en días a antesis, a espigazón y a madurez y PF del resto de los granos. Solo *Ppd-D1* mostró efectos sobre caracteres de floración y solo *Rht-D1* sobre altura, pese a la variación alélica presente en los dos genes de fotoperíodo y de enanismo.

## VARIACIONES FENOTÍPICAS ENTRE ALELOS DEL QTL EPS AM1 EN TRIGO DIPLOIDE

Coria JP<sup>1</sup>, G Tranquilli<sup>2</sup>, ML Appendino<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, FAUBA. <sup>2</sup>Instituto de Recursos Genéticos, CIRN-INTA. e-mail: juanpaiv@hotmail.com

En trigo la variabilidad fenotípica en la duración del ciclo del cultivo provocada por el carácter precocidad intrínseca ó *earliness per se* (EPS), se manifiesta más claramente cuando los requerimientos fotoperiódicos y de vernalización han sido satisfechos o son inexistentes. Se ha detectado para este carácter un Qtl, Eps-Am1, localizado en el cromosoma 1 del trigo diploide *Triticum monococcum* (1Am). Se utilizaron líneas cuasi-isogénicas (NILs) primaverales derivadas del cruzamiento entre la especie cultivada *T. monococcum* ssp. *monococcum* (DV92, primaverale y tardía para EPS: alelo Eps-Am1l) y la silvestre *T. monococcum* ssp. *aegilopides* (G3116, invernal, precoz para EPS: alelo Eps-Am1e). Los experimentos fueron llevados a cabo con la finalidad de caracterizar diferencias fenotípicas entre los alelos en: número de hojas, duración del período vegetativo, tasa de aparición de hojas (filocrono) y de primordios foliares (plastocrono). Para ello se trabajó en cámara de cría cultivando las plantas individualmente, bajo fotoperíodo de 16 horas y 22° C con baja intensidad luminosa. El análisis se realizó comparativamente con un grupo de líneas (RILS) ya caracterizadas previamente excepto para filocrono. Los resultados constataron las diferencias en número de hojas y duración del período vegetativo. Por otra parte el filocrono y plastocrono entre líneas no mostró diferencias estadísticamente significativas, sugiriendo cambios en la duración de los períodos y mantenimiento de la tasa de emisión de primordios.

## GENES DE ENANISMO *Rht B1* Y *D1* COMO DETERMINANTES DE LA ALTURA DE CULTIVARES DE TRIGO PAN ACTUALES

Abbate PE<sup>1</sup>, NE Mirabella<sup>1,2</sup>, IA Ramirez<sup>1</sup>, AC Pontaroli<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMDP y EEA-INTA Balcarce), CC 276, Balcarce (B7620ZAA), Bs. As., Argentina. <sup>2</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires, Argentina. <sup>3</sup>CONICET. e-mail: abbate.pablo@gmail.com

La reducción de la altura de los cultivares comerciales de trigo que se dio en Argentina a partir de los 80 permitió aumentar el rendimiento a través de: 1) una mayor tolerancia al vuelco y 2) una mayor proporción de la biomasa del cultivo destinada a la generación de granos. La reducción se logró por medio de la introgresión de los alelos de enanismo *Rht B1b* y *D1b*. Entre los cultivares actuales existe una considerable variación en altura, cabe preguntarse si los alelos de los genes *Rht B1* y *D1* permiten explicar esas variaciones. Los datos provienen de 5 campañas de ensayos de la Red de evaluación de cultivares de trigo conducida con alta tecnología en INTA Balcarce. La cantidad de cvs. estudiados fue 31-46/año. El análisis se realizó para cvs. de ciclo largo (CL) y corto (CC) separadamente. Para cada cultivar se calculó el residuo de su altura (RH) respecto del promedio de los cvs. del experimento; luego se promediaron los RH agrupando los cvs. en las 4 combinaciones alélicas posibles entre ambos genes. La altura promedio de los CL fue 91 cm con rango de variación de 29%, los respectivos valores para los CC fueron 90 cm y 21%. Entre los CL hubo diferencias ( $P < 0,05$ ) en RH entre los grupos alélicos, sin embargo el grupo que promedió menor altura no fue *B1bD1b* (doble enano) sino *B1aD1b* (4 cm menor que el promedio); el de mayor altura fue *B1bD1a* (5 cm mayor). En los CC no hubo diferencias entre grupos. En conclusión, los alelos de los genes *Rht B1* y *D1* no dieron una explicación satisfactoria de las diferencias de altura de los cultivares actualmente en difusión en Balcarce.

## DETERMINACIÓN DEL EFECTO DE LOS GENES *PPD-B1* Y *PPD-D1* SOBRE LA FERTILIDAD DE LA ESPIGA EN TRIGO PAN

Redi IW<sup>1</sup>, IA Ramirez<sup>1,2</sup>, PE Abbate<sup>1</sup>, AC Pontaroli<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce INTA-FCA, UNMDP), CC 276 (7620) Balcarce, Argentina. <sup>2</sup>Monsanto's Beachell-Borlaug International Fellowship Program. <sup>3</sup>CONICET. e-mail: nachomdq90@hotmail.com

Uno de los principales componentes del número de granos por m<sup>2</sup> (NGm<sup>2</sup>) en trigo es la fertilidad de la espiga (FE, i.e. NG/peso seco de la espiga sin granos). Este carácter se ha propuesto como criterio de selección en el mejoramiento, dadas su gran estabilidad, mediana heredabilidad y facilidad de medición. Se ha observado que el fotoperíodo durante etapas previas a la floración afecta el número de primordios florales fértiles (NPF), y se ha sugerido aumentar la sensibilidad al fotoperíodo para incrementar el NPF, lo que podría modificar la FE y el NGm<sup>2</sup>. Sin embargo, los datos disponibles provienen de pocos genotipos y se centran en el efecto de los genes *Ppd-B1* y *Ppd-D1* sobre el NPF y no sobre la FE. Por ende sería deseable conocer si determinada combinación alélica para dichos genes conlleva un aumento en la FE. El objetivo fue establecer la relación entre la FE y los genes *Ppd-B1* y *Ppd-D1*. Para ello se sembraron 100 líneas endocriadas en tres fechas de siembra en un diseño de parcelas divididas con dos repeticiones. La FE se determinó en 15 espigas en madurez y la información genotípica se obtuvo de la bibliografía. Los datos se analizaron mediante ANOVA con la fecha de espigazón como covariable. Como resultado, se detectó efecto significativo de ambos genes y de su interacción sobre la FE. En promedio, las líneas con alelos de insensibilidad al fotoperíodo mostraron una FE 10% mayor que la de las restantes. Esto sugiere que, además de intervenir en la determinación del momento de espigazón, los genes *Ppd-B1* y *Ppd-D1* ejercen un efecto directo sobre la FE.

## EFECTO DE GENES DE ENANISMO SOBRE LA FERTILIDAD DE LA ESPIGA EN TRIGO PAN

Alonso MP<sup>1,2,4</sup>, JS Panelo<sup>1</sup>, PE Abbate<sup>1</sup>, AC Pontaroli<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce INTA-FCA, UNMdP), CC 276 (7620) Balcarce, Argentina. <sup>2</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Prov. de Buenos Aires (CIC). <sup>3</sup>CONICET. <sup>4</sup>Afiliación actual: CONICET. e-mail: jspanelo@gmail.com

Uno de los principales componentes del número de granos en el cultivo de trigo es la fertilidad de la espiga (FE; cociente entre el número de granos y el peso de la espiga sin granos). Se ha observado que este carácter tiene mediana a alta heredabilidad, pero se desconoce qué genes lo controlan. En la década de 1960 se produjo un incremento sustancial en el rendimiento de trigo gracias a la introgresión de genes de enanismo, que aumentaron la partición a espiga y la tolerancia al vuelco por una reducción de la altura de la planta. Existen evidencias de que estos genes están involucrados en la determinación del número de granos, por lo que es posible hipotetizar que al menos alguno de ellos está asociado con la FE. En una población biparental de 150 RILs  $F_7$  derivada del cruzamiento entre variedades contrastantes para la FE (Baguette 10 x Klein Chajá) se analizaron siete marcadores microsatélites ligados a genes de enanismo y dos variantes alélicas de cada uno de dos genes de enanismo adicionales. El gen *Rht-D1* y dos microsatélites (asociados a *Rht4* y a *Rht9*) fueron polimórficos entre los padres y exhibieron segregación 1:1 en la población. En el análisis de comparación de medias de FE entre los grupos generados por las variantes alélicas, realizado con datos de FE obtenidos en ensayos de campo en 3 años en Balcarce, Argentina. Se detectó un efecto significativo del gen *Rht-D1* sobre el carácter ( $p=0,007$ ); así, el grupo portador del alelo *b* presentó, en promedio, FE 4% superior a la del grupo portador del alelo *a*. Esto sugiere que el gen *Rht-D1* podría estar asociado a la FE.

## IDENTIFICACIÓN DE CULTIVARES DE COLZA Y CEBADA SUPERIORES Y ESTABLES PARA CARACTERES AGRONÓMICOS

Camezzana JM<sup>1</sup>, L García<sup>1</sup>, JC Suárez<sup>2</sup>, J Lúquez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce. <sup>2</sup>Consultor Privado. Pergamino, Buenos Aires. e-mail: luquez.julia@inta.gob.ar

La colza y la cebada en Argentina son convenientes para anteceder a la soja de segunda. Esto hace necesario conocer el comportamiento y la estabilidad de los cultivares para rendimiento y otros caracteres agronómicos en ensayos multiambientales. Para identificar los cultivares superiores y estables, se analizaron datos de rendimiento de colza, y de rendimiento, contenido de proteína (CP) y calidad de cebada con los métodos de Shukla y Rendimiento Relativo. En colza se utilizaron dos grupos de datos: 1) 9x10 78: 9 cultivares, 10 ambientes, ciclos agrícolas 2007 y 2008, y 2) 4x 22 9101112. En cebada se utilizó un grupo de datos para rendimiento: 9x26 1112, uno para CP: 9x24 1112 y uno para calidad: 9x28 1112. No hubo interacción cultivar x ambiente para CP. El cultivar MP1012 fue identificado por ambos métodos como de alto rendimiento, con contenidos adecuados de proteína y calidad para maltería y estable para los tres caracteres. Veinte ambientes contribuyeron a este resultado para calidad y 11 para rendimiento. En colza, los cultivares Foremost del primer grupo de datos y Bioaureo 2386, del segundo, fueron identificados como estables y de alto rendimiento por los dos métodos. Puede apreciarse que el comportamiento de los cultivares de colza y cebada y su estabilidad para caracteres agronómicos no son mutuamente excluyentes y deben considerarse juntos en los genotipos a usarse como progenitores en los programas de mejoramiento genético..

## INUSUAL SEGREGACIÓN DE TRANSGENES EN PLANTAS DE TRIGO

Voutat R<sup>1</sup>, B Garibotto<sup>1</sup>, A Beznec<sup>1,2</sup>, C Decima Oneto<sup>1</sup>, P Faccio<sup>1,3</sup>, D Lewi<sup>1</sup>, E Bossio<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>IGEAF-INTA. <sup>2</sup>CONICET. <sup>3</sup>FCEQyN, Universidad de Morón.  
e-mail: aebossio@gmail.com

La obtención de plantas transgénicas de trigo mediante biolística conlleva usualmente un elevado número de inserciones de los transgenes en hemicigosis, redundando en la obtención de poblaciones constantemente segregantes para el transgén. En el Laboratorio de Transformación Genética Vegetal del IGEAF se obtuvieron eventos de trigo transformados con un vector que permite la expresión de una horquilla que promueve el silenciamiento de los genes involucrados en la biosíntesis de glutatión. Inesperadamente, la descendencia  $T_1$  resultante de la autofecundación de las plantas  $T_0$  obtenidas en los ensayos de transformación mencionados no exhibieron segregación para el transgén, ya que se encontraron solo plantas transgénicas, a pesar de que solo una o dos inserciones fueron registradas en los tres genotipos estudiados. Esta observación se evaluó molecularmente a lo largo de tres generaciones de autofecundación, verificando en todos los casos la ausencia de segregación. Con el objetivo de obtener individuos segregantes y poder determinar el estado de cigosis del transgén en las plantas  $T_0$  (obtenidas en los ensayos de transformación) se realizaron cruzamientos de la generación  $T_1$  con el genotipo *wild type*. Los resultados de la caracterización molecular de la generación obtenida sugieren que el patrón de segregación del transgén no se ajusta a ninguna relación esperada. Una población con mayor número de individuos permitirá resolver esta situación

## EFFECTO DE RADIACIÓN GAMMA SOBRE LA GERMINACIÓN Y EL CRECIMIENTO EN TRIGO, TRITICALE Y GARBANZO

Di Pane FJ<sup>1</sup>, M Gracia Alba<sup>2</sup>, SC Lopez<sup>2</sup>. <sup>1</sup>CEI Barrow (MAA-INTA). <sup>2</sup>CNEA.  
e-mail: dipane.francisco@inta.gob.ar

Las mutaciones inducidas, ya sea por agentes químicos o por radiaciones ionizantes, se han utilizado en el mejoramiento de los cultivos más importantes. En los últimos 15 años se han obtenido 1019 variedades mutantes, siendo los rayos ionizantes responsables de muchas de ellas. Las dosis de rayos ionizantes Gamma se dividen en altas, medias y bajas. Las dosis altas se utilizan para la esterilización de productos alimenticios, y dosis más bajas se utilizan para inducir mutaciones en semillas. Para estudiar los efectos de los rayos Gamma se irradiaron semillas secas de trigo, triticale y garbanzo con tres dosis (50, 200 y 400 Gy) en la Comisión Nacional de Energía Atómica de Ezeiza (Argentina). Cuando se evaluó el poder germinativo (PG) se encontró que en dos de las tres especies no hubo diferencias significativas (trigo y triticale). En cambio, en garbanzo se observó mayor PG en el control (0) y una disminución estadísticamente significativa solo con el tratamiento más alto (400 Gy). Al analizar el crecimiento inicial (CI) en todas las especies evaluadas se encontraron diferencias significativas. En todos los casos el control (0) tuvo mayor CI y fue disminuyendo a mayor dosis de radiación. Las diferencias encontradas permitirían asegurar un efecto de la radiación con rayos Gamma sobre las semillas secas. A pesar del menor crecimiento inicial se podría haber generado mutaciones benéficas en los cultivos analizados. El uso de rayos ionizantes en tratamientos con semillas secas se mostró, a priori, positivo para generar variabilidad en estas especies.

## ESTABILIDAD Y ADAPTABILIDAD PARA RENDIMIENTO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MAÍZ CON CALIDAD DIFERENCIADA

Corcuera VR<sup>1</sup>, M Kandus<sup>2</sup>, D Almorza<sup>3</sup>, JC Salerno<sup>2</sup>. <sup>1</sup>CIC, Peia. Buenos Aires. <sup>2</sup>Inst. de Genética "E.A. Favret"-INTA Castelar. <sup>3</sup>Universidad de Cádiz, España.

e-mail: salerno.juancarlos@inta.gob.ar

El objetivo del trabajo fue identificar genotipos de híbridos simples de maíz con calidad diferenciada mediante el acercamiento paramétrico a la estabilidad. Se evaluaron en ensayos comparativos de rendimiento trece genotipos (HC49-HC85) en la localidad de Castelar durante 3 años. El rendimiento (Kg/ha) se determinó a partir del número medio de espigas productivas por planta y la productividad de éstas expresada como el peso de sus granos. La estabilidad y adaptabilidad de los materiales ensayados fue analizada mediante métodos de aproximación paramétrica [Francis y Kannenberg (CV%); Finlay y Wilkinson ( $b_j$ ), Eberhart y Russell ( $S^2_{di}$ ), Wricke (W) y Pinthus ( $r^2$ )] así como a través de un método no paramétrico como el de los Rendimientos Relativos (RR). Se empleó el coeficiente de rangos de Spearman ( $r_s$ ) para comparar los rangos de estabilidad atribuidos a cada genotipo mediante los diferentes métodos utilizados. El ANAVA reveló que tanto los híbridos como los ambientes difieren marcadamente entre sí ( $p \leq 0,01$ ). Las medias genotípicas fluctúan entre 4.554,2 Kg/ha y 11.763,1 Kg/ha. Los resultados obtenidos deben considerarse orientativos debido al número de ambientes de evaluación. La mayoría de los métodos sugiere que HC49, HC57, HC66, HC77 y HC83 son los genotipos más estables. A su vez, HC57, HC66 y HC77 se adaptaron mejor a situaciones ambientales menos favorables por ser los más estables en sentido biológico (estabilidad tipo 1).

## ANÁLISIS DE SENDEROS PARA VARIABLES RELACIONADAS AL RENDIMIENTO DE GENOTIPOS DE MAÍZ

Rossi EA<sup>1</sup>, NC Bonamico<sup>1</sup>, ME Ortiz<sup>1</sup>, MA Di Renzo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto. e-mail: ezequiel.455@hotmail.com

El análisis de coeficiente de sendero permite descomponer la correlación entre dos o más variables en componentes, directos e indirectos. Dicho análisis se realizó con el objetivo de interpretar las correlaciones genéticas entre rendimiento en grano y cuatro variables relacionadas, de distintos genotipos híbridos de maíz. Para ello se evaluaron veintiocho híbridos de maíz en la localidad de Río Cuarto durante el ciclo agrícola 2012/2013, con un diseño en bloques completos al azar. Las variables medidas para obtener la correlación genética y estimar los efectos directos e indirectos fueron rendimiento en grano (RG), altura de planta (AP), días a floración (DF), peso de mil granos (PM) e intervalo antesis-estigma (IAE). El análisis permitió observar que la variable RG estuvo afectada, directa e indirectamente, por las variables DF, AP e IAE. A su vez, estas tres variables también tuvieron componentes directos e indirectos sobre PM. Por otra parte, PM solo afectó directamente a RG. Los mayores efectos directos sobre RG fueron los de AP y PM, en forma positiva, y DF, en forma negativa. Mientras que para PM la principal componente directa positiva fue IAE. Por lo tanto altura de planta, peso de mil granos y días a floración serían variables de importancia en la determinación del rendimiento en programas de selección y mejoramiento genético.

## COMPONENTES GENÉTICOS INVOLUCRADOS EN EL RENDIMIENTO Y LA CALIDAD COMERCIAL DE MAÍZ PISINGALLO

Lorea RD<sup>1,2</sup>, B Gaset<sup>2</sup>. <sup>1</sup>EEA-INTA Pergamino. <sup>2</sup>Fac. de Agronomía, ECANA-UNNOBA.  
e-mail: lorea.roberto@inta.gob.ar

Argentina es el segundo productor mundial de maíz pisingallo y primer país exportador. En este cultivo, junto con el rendimiento en grano, la calidad de lo producido juega un papel importante y objeto de mejora conjunta. La calidad se mide principalmente por su volumen de expansión (el cociente entre el volumen ocupado por los copos y el peso de granos que a través de la cocción les dieron origen), otro parámetro determinante también del estándar de comercialización es el tamaño de los granos (K/10). Para establecer las componentes genéticas del rendimiento y calidad de grano (volumen de expansión y K/10) en un grupo de 8 líneas endocriadas de maíz pisingallo (representativas de 4 orígenes genéticos diferentes), se evaluó un cruzamiento dialélico completo en la EEA Pergamino de INTA durante la campaña 2012/13. Con la media de cada variable se calcularon los efectos de aptitud combinatoria general (ACG), específica (ACE) y recíprocos presentes en las 8 líneas, utilizando el programa GENES y aplicando el Método 1. Además, se calculó la importancia relativa de la ACG y la ACE (IRg). Se encontró que los componentes genéticos determinantes de estas características fueron tanto efectos aditivos (ACG) como no aditivos (ACE), siendo los últimos de mayor magnitud. Se encontraron efectos recíprocos solamente para el volumen de expansión. La información analizada determina la existencia de 4 grupos heteróticos entre las líneas evaluadas, definidos claramente para las 3 características en estudio y acordes al origen de las mismas.

## SELECCIÓN DE HÍBRIDOS SUPERIORES DE MAÍZ A PARTIR DE ENSAYOS COMPARATIVOS DE RENDIMIENTO

Biasutti CA, M Balzarini, MV de la Torre, MC Nazar. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba.  
e-mail: biasutti@agro.unc.edu.ar

La elección de los cultivares experimentales se basa generalmente en su comportamiento en múltiples ensayos de rendimiento. Esto da por establecido que los datos de numerosos ensayos son más predictivos que uno o pocos ambientes de prueba. El objetivo de este trabajo fue analizar el poder predictivo de un reducido número de ensayos comparativos para la selección de los cultivares de maíz que pasarán a la próxima etapa de evaluación en un programa de mejoramiento. Datos de rendimiento de ensayos de 2010 a 2013 fueron empleados para estudiar el poder predictivo de los ambientes de evaluación. Se emplearon los modelos mixtos para la estimación del mejor estimador lineal insesgado (*Blup*) de cada genotipo, empleando el estadístico t del *Blup* (t*Blup*) como medida del comportamiento de los cultivares. Del total de híbridos evaluados, un 82% de los genotipos no mostraron valores opuestos de t*Blup*, mientras que el 18% restante sí exhibieron valores contrapuestos de t*Blup* entre los ambientes de evaluación. La correlación entre los valores de t*Blup* a través de los ambientes de evaluación fue no significativa, salvo la relación entre dos ambientes de bajo rendimiento ( $r=0,54^*$ ). Analizando todos los ambientes en conjunto, la inclusión de relaciones de parentesco entre los genotipos permitió la diferenciación de un 45% de los híbridos contra un 5% sin incluir relaciones. La selección de híbridos promisorios debe realizarse en base a un mínimo de dos ambientes, que permitan la expresión de la variación entre los genotipos.

## HEREDABILIDAD EN SENTIDO AMPLIO Y ESTRICTO PARA LA RESISTENCIA A *Fusarium verticillioides* EN MAÍZ

Belich YE<sup>1</sup>, RN Pioli<sup>2</sup>, GR Pratta<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Nidera S.A. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup>CONICET.

e-mail: yebelich@nidera.com.ar

El objetivo del trabajo fue estimar la heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ) y estricto ( $h^2$ ) en tres poblaciones de RILs de maíz para resistencia a *Fusarium verticillioides* (*Fv*). El ensayo se sembró en Venado Tuerto y las inoculaciones se realizaron con un aislamiento de *Fv* con probada capacidad infectiva sobre líneas puras pertenecientes a diferentes grupos heteróticos. Se analizaron RILs (líneas endocriadas recombinantes) derivadas de tres cruzamientos entre esas líneas puras: la población A se obtuvo del cruzamiento entre 2 líneas resistentes (Flint x Flint), la población B, entre 2 líneas moderadamente resistentes (Lancaster x Lancaster) y la población C, entre 2 líneas susceptibles (Lancaster x Lancaster). La resistencia se evaluó mediante Severidad (en porcentaje, %S) de *Fv* en 45 RILs de la población A, 40 RILs de la B y 43 RILs de la C. Se analizaron 30 plantas dentro de cada una de las 128 RILs. Las comparaciones entre cruzamientos y poblaciones dentro de cruzamientos se realizaron por ANOVA anidado, a partir del cual se estimaron  $H^2$  y  $h^2$  despejando los componentes de variancia respectivos. Se encontraron diferencias significativas para %S para ambas fuentes de variación consideradas, verificando la existencia de variancia genética aditiva y no aditiva para este carácter. La estimación de  $H^2$  fue 0,27 y la de  $h^2$ , 0,19. Estos resultados corroboran que la resistencia a *Fv* es un carácter complejo, de herencia cuantitativa y gran influencia ambiental, siendo aún posible obtener respuesta a la selección para incrementar la resistencia a *Fv* en maíz.

## PRODREDUMBRE DE TALLO Y RAÍZ EN HÍBRIDOS DE MAÍZ: ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO × AMBIENTE

Fissore MJ<sup>1</sup>, MA Ibañez<sup>1</sup>, NC Bonamico<sup>1</sup>, MA Di Renzo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Mejoramiento Genético, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Agencia N° 3, 5.800 Río Cuarto, Argentina.

e-mail: mibanez@ayv.unrc.edu.ar

La podredumbre de tallo y raíz (PTR) es una de las enfermedades más importantes del cultivo de maíz en Argentina. El método de control más eficiente, económico y ambientalmente sustentable implica el uso de genotipos resistentes. La enfermedad, que está influenciada por las condiciones ambientales, presenta varios síntomas que se manifiestan con grados diferentes. Para cuantificar la reacción de los distintos genotipos en los diferentes ambientes de prueba, se propone utilizar un “indicador multidimensional de podredumbre de tallo y raíz” (IMPTR). El objetivo de este trabajo fue estudiar la interacción genotipo × ambiente (GE) para el indicador multidimensional de podredumbre de tallo y raíz. El IMPTR de 12 híbridos de maíz se estimó a partir de evaluaciones realizadas en las localidades de Buchardo, Olaeta y Papagayo, durante una campaña agrícola. Se utilizó el modelo de regresión de sitios para ensayos multiambientales. El gráfico biplot GGE permitió separar las tres localidades en dos grupos de ambientes. En un grupo, conformado por las localidades de Papagayo y Buchardo, los híbridos presentaron, en general, valores medios del IMPTR y poca variabilidad. En el otro grupo, representado por Olaeta, la localidad con mayor capacidad discriminante y más representativa, los genotipos mostraron las mayores diferencias en su reacción frente a la enfermedad, lográndose aquí una mejor caracterización de los mismos. El IMPTR, junto al modelo de regresión de sitios y su biplot, permitieron diferenciar y agrupar híbridos por su comportamiento frente a la PTR.

## QTL PARA LA REACCIÓN AL VIRUS DEL MAL DE RÍO CUARTO EN FAMILIAS F2:3 DE MAÍZ

Bonamico NC<sup>1</sup>, MA Di Renzo<sup>1</sup>, EA Rossi<sup>1</sup>, ML Borghi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>FAV, UNRC.  
e-mail: ncbonamico@gmail.com

El índice de severidad de enfermedad (ISE) es una medida multivariada de la reacción al virus del Mal de Río Cuarto (MRCV) en maíz. El objetivo del trabajo fue identificar QTL para el ISE, la incidencia (INC) y la severidad (SEV) del Mal de Río Cuarto. Una población F2:3 derivada de una línea resistente y otra susceptible al MRC se evaluó en tres ambientes del área en donde la enfermedad es endémica (Río Cuarto 2011, La Aguada 2011 y La Aguada 2012), con un diseño en bloques completos al azar. Posteriormente, se estimaron el ISE, la INC y la SEV de la enfermedad. Los análisis estadísticos se realizaron por ambiente y a través de ambientes mediante mapeo por intervalo simple y compuesto. En ambientes individuales se detectaron QTL comunes para ISE, INC y SEV en los cromosomas 1 y 10, y para INC y SEV en el cromosoma 3. Se detectaron QTL específicos para INC en los cromosomas 1 y para SEV en los cromosomas 4 y 6. La varianza fenotípica explicada, osciló entre 4% y 18%. A través de ambientes también se identificaron QTL comunes para ISE, INC y SEV en los cromosomas 1 y 10, siendo la máxima variación fenotípica explicada del 11%. La presencia de QTL específicos para INC y para SEV sugiere que existen distintos mecanismos involucrados en la reacción al MRCV. Menor SEV se asociaría con mecanismos de tolerancia al virus y menor INC con mecanismos de tolerancia al virus y a la transmisión por el vector. En este estudio se informan QTL para la reacción al MRCV en regiones del genoma de maíz donde ya se han identificado genes de resistencia a virus y otros patógenos.

## EL BOMBARDEO CON ELECTRONES PROLONGA LA VIDA ÚTIL DE CALLOS DE MAÍZ CRECIENDO EN CULTIVO *IN VITRO*

Allocati JP<sup>1,2</sup>, H Pedranzani<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. <sup>2</sup>Universidad Nacional de San Luis.  
e-mail: jallocati@hotmail.com

Se desarrolló un método innovador basado en principios de la física, para prolongar la vida útil de callos tipo II de maíz HiII (*Zea mays L.*) creciendo en cultivo *in vitro*. La viabilidad de un callo que va a ser destinado a transformación por biolística, posee una ventana en la que es útil para el proceso. Luego de este período una serie de reacciones REDOX se suceden en el medio de cultivo, así como en la atmósfera de la placa y las células, a la que llamaremos biósfera del callo. En estas condiciones se obtiene una eficiencia de transformación significativamente menor, medida como: plantas adultas transgénicas/callos bombardeados. Sería deseable ampliar esta ventana de viabilidad por medios alternativos, que permitan disminuir los costos y maximizar la salud de los tejidos. La presencia en el medio del agente reductor Ag<sup>+</sup> (AgNO<sub>3</sub>) disminuye la producción de la fitohormona gaseosa etileno cediendo electrones al sistema y disminuyendo los efectos negativos asociados a ella como la oxidación, y una multiplicidad de procesos que regulan el crecimiento y desarrollo. Su costo es elevado, por tanto, se desarrolló una solución innovadora que consiste en entregar poder reductor a la biósfera del callo, utilizando el bombardeo de electrones libres generados por ionizadores. Se evaluó semanalmente en un grupo de callos no repicados parámetros relacionados con la oxidación, la friabilidad y la vida media. Los callos tratados conservan su vida útil 10 semanas promedio, casi el doble que los controles, sin verse comprometida su capacidad para regenerar plantas enteras fértiles.

## TRANSFORMACIÓN DE CALLOS EMBRIOGÉNICOS DE MAÍZ MEDIADA POR *Agrobacterium tumefaciens*

de la Calle V<sup>1</sup>, C Décima Oneto<sup>2</sup>, P Faccio<sup>2</sup>, E Bossio<sup>2</sup>, A Beznec<sup>2</sup>, D Lewi<sup>3</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Ciencias Agroalimentarias, Universidad de Morón. <sup>2</sup>Instituto de Genética E.A. Favret, INTA.  
 e-mail: lewi.daliamarcela@inta.gob.ar

La tecnología de transformación de plantas es una herramienta útil para conseguir la mejora de cultivos así como para llevar a cabo el estudio de la función de genes, permitiendo su introducción y aportando nueva variabilidad genética. La transformación puede abordarse a través de diferentes métodos: físicos o biológicos. El grupo de transformación genética vegetal del IGAEF cuenta con un protocolo de transformación de maíz por biolística con el cual se obtuvieron eventos para diversos caracteres. Actualmente existen protocolos de transferencia génica mediante *Agrobacterium tumefaciens* (*At*) basados en la infección de embriones maduros o inmaduros. Con el fin de poder utilizar callos embriogénicos como blanco de transformación mediada por *At*, se trabajó en la obtención de un protocolo novedoso tomando como referencia la información preexistente para otro tipo de explantes. Los resultados obtenidos a partir de la infección con la cepa EHA101 (conteniendo un vector binario que permite la expresión de los genes *gus* y *bar*) muestran que es posible la transformación de callos embriogénicos de genotipo Hi-II y la posterior regeneración de plantas transgénicas fértiles. La transferencia de ADN se comprobó molecularmente mediante PCR sobre células de callos y sobre tejido foliar. La expresión del transgén de selección se evidenció a través de la observación de la resistencia al herbicida aplicado sobre las hojas.

## CARACTERÍSTICAS DEL GRANO EN LÍNEAS F<sub>7</sub> DE CRUZAS DE TRITICALE FORRAJERO X GRANÍFERO

Carena C<sup>1</sup>, H di Santo<sup>1</sup>, E Castillo<sup>1</sup>, A Ferreira<sup>1</sup>, V Ferreira<sup>1</sup>, E Grassi<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.  
 e-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El mejoramiento de autógamias requiere generar variabilidad mediante cruzamientos entre genotipos selectos. La capacidad para producir grano se analizó en siete cruzas entre cuatro progenitores CIMMYT mejorados por aptitud granífera harinera y tres cultivares forrajeros registrados por la UN de Río Cuarto. Empleando 18 plantas F<sub>7</sub> por cruza se evaluaron: peso y N° de granos/planta, peso individual del grano e índice de tersura (1 arrugado - 4 lisos). Los datos se analizaron mediante ANVA y prueba de Duncan, contrastes ortogonales y componentes principales. Los valores medios fueron 3,30 ± 1,84 g/pl, 97,66 ± 56,15 granos/pl, 34,96 ± 7,57 mg/grano e índice de tersura de 2,53 ± 0,87, con diferencias significativas entre cruzas para peso de granos/planta (F=2,24\*), peso individual del grano (F=10,5\*\*\*) e índice de tersura (F=4,48\*\*\*). Los altos rangos de variación fenotípica dentro de cada cruza revelaron una amplia recombinación. Los contrastes entre cruzas fueron significativos a favor de aquellas cuyos progenitores tienen aptitud granífera; presentaron grano más grande (F=42,06\*\*\*), con valores de 37,6 ± 7,4 mg/grano vs. 31,1 ± 6,1 mg/grano, y de mayor tersura (F=20,14\*\*\*) con índices de llenado de 2,8 ± 0,8 vs. 2,2 ± 0,8. El análisis de componentes principales reveló dos cruzas (C95/88 x Quiñé RA y C92/130 x Quiñé RA) con valores adecuados para los 4 caracteres. La evaluación preliminar del grano producido permitió identificar la línea Quiñé RA-UNRC como progenitor para futuros cruzamientos con objetivo granífero y la tipificación de líneas promisorias para grano.

## CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE VARIETADES DE CEBADA PARA GENES DE RESISTENCIA A ENFERMEDADES Y CALIDAD

González GA<sup>1</sup>, VA Conti<sup>1</sup>, F Moreyra<sup>1</sup>, A Vallati<sup>1</sup>, FJ Gimenez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA-EEA Bordenave.

e-mail: gonzalez.ga@inta.gov.ar

El uso de marcadores moleculares permite caracterizar materiales mediante la presencia o ausencia de genes de importancia agronómica. En este trabajo, se realizó una caracterización molecular de 22 variedades comerciales de cebada. Se utilizaron como control nueve materiales de la colección de cebada de la EEA Bordenave de INTA, que poseían, según la bibliografía, alelos favorables para los genes de interés. Se aplicaron marcadores tipo CAPS sobre los genes Rph7 (resistencia a roya de la hoja), Rrs2 (resistencia a escaldadura) y  $\beta$ -Amilasa (enzima de degradación del almidón durante el macerado de la malta). Las variedades Shakira y Traveler presentaron alelos de resistencia para el gen Rrs2. Las demás variedades no presentaron alelos favorables para los genes Rph7, Rrs2 y  $\beta$ -Amilasa. La caracterización permitió confirmar la presencia de alelos de resistencia a roya de la hoja en los materiales Hendly, Heris, Henrike y Delta de la colección. También se confirmó la presencia de los alelos favorables para  $\beta$ -Amilasa en Ayuna Nijo, Tome Nijo, Centenial, Rika y Delta. A partir de esta caracterización se crearon poblaciones utilizando como padres variedades comerciales y materiales donantes de los alelos favorables. Se seleccionaron individuos que combinan alelos de resistencia para ambas enfermedades con alelos favorables de  $\beta$ -Amilasa. Las líneas derivadas de estos materiales que tengan buena performance agronómica, tendrían, además, buen comportamiento frente a roya de la hoja y escaldadura, y aportarían mejoras en la calidad industrial de cebada.

## LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE LAS VARIETADES CRIOLLAS DE ARROZ DE SECANO

Pinto TT<sup>1</sup>, GMB Gonçalves<sup>1</sup>, R Souza<sup>1</sup>, GO Telésforo<sup>1</sup>, JB Ogliari<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina.

e-mail: tassi.tp@gmail.com

Los agricultores familiares del Sur de Brasil tradicionalmente siembran variedades criollas de arroz de secano para autoconsumo, éstas son cultivadas con pocos insumos y su conservación *in situ on farm* permite la co-evolución de las variedades con el medio ambiente. El presente estudio examinó la diversidad y divergencia genética de 16 variedades criollas mantenidas por los agricultores en el Oeste del Estado de Santa Catarina. Las variedades fueron colectadas por el Núcleo de *Estudos em Agrobiodiversidade* (NEABio/UFSC) en los municipios de Anchieta y Guaraciaba y caracterizados por descriptores morfológicos del grano, cualitativos (forma y color del grano y el color de la cáscara) y cuantitativos (peso, espesor, ancho y la longitud de la cariopsis), sugerido por *Bioversity International*. La diversidad se calculó con el índice de Shannon (IS) y las variedades se agruparon mediante el método de Ward-MLM con el *software Past*. El IS se estimó en  $2,74 \pm 0,10$  ( $\alpha=0,05$ ). El dendrograma ( $r=0,74$ ) nos permitió clasificar tres grupos, el primer con cuatro variedades, el segundo con siete variedades divididas en dos subgrupos y el tercero agrupando a las otras cinco variedades. Los resultados muestran que la diversidad morfológica de grano debe ser preservada a fin de evitar la pérdida de las variedades criollas y de las características de los cultivos, que son valiosos para los agricultores tradicionales, tal diversidad también puede ser utilizada como una fuente de alelos para los programas de mejoramiento.

## CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE VARIETADES Y LÍNEAS ARGENTINA DE ARROZ

Colazo JL<sup>1</sup>, AB Livore<sup>1</sup>, MF Galván<sup>1</sup>, FD Cattaneo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>EEA-INTA Concepción del Uruguay, Grupo de Mejoramiento Genético de Arroz. e-mail: colazo.jose@inta.gob.ar

Un problema potencial del mejoramiento genético es la pérdida de diversidad genética (DG) dentro de las especies como consecuencia de las exigencias en la agricultura moderna y la poca utilización del germoplasma existente. Los objetivos del siguiente trabajo son agrupar genéticamente germoplasma de arroz usando marcadores moleculares y cuantificar la DG en los grupos formados. Se analizaron 22 variedades disponibles en Argentina, 9 líneas avanzadas del programa de mejoramiento genético de arroz del INTA-Concepción del Uruguay (CdU) y 3 variedades internacionales. Para establecer las relaciones genéticas entre los diferentes genotipos se utilizaron 32 marcadores moleculares. La DG se calculó como el valor medio de PIC de los loci SSR y SCAR analizados. Para evidenciar diferencias significativas en la DG de los diferentes grupos se realizó un ANAVA sobre los valores de PIC obtenidos. El dendrograma presentó dos grandes grupos correspondientes a la subespecie japónica (0,43) e índica (0,45). La DG de estos grupos fue similar y no significativa. Dentro del grupo índica se formó un subgrupo donde se agrupan las variedades más sembradas en Argentina. La DG de este subgrupo fue baja (0,34) siendo significativa en comparación con la DG total (0,60). Las líneas del programa de CdU presentaron una DG (0,51) resultando no significativa en comparación con la DG total. La DG disponible para sembrar en Argentina es buena aunque la DG usada en el área de siembra es baja. Esto podría representar un problema debido a la falta de plasticidad antes adversidades bióticas y abióticas.

## EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA INDIRECTA EN *Chenopodium quinoa* WILLD

Paredes CM<sup>1</sup>, LG Buitrago<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, <sup>2</sup>Proy. SECTER 08A153, Universidad Nacional de Jujuy. e-mail: claudiaparedes@argentina.com

La necesidad de conocer la respuesta fisiológica, como paso previo a un proceso de mejora, así como la posibilidad de explorar estrategias de conservación ex situ, son determinaciones que justifican disponer de un protocolo de cultivos in vitro eficiente para modelizar el comportamiento de la especie *Chenopodium quinoa* Willd. El objetivo del trabajo fue determinar la capacidad de regeneración por embriogénesis somática de las variedades de quinoa Kamiri, Ingapirca, Real, Cica y dos ecotipos a) Cusi Cusi y b) A14, para lo cual se sembraron en condiciones axénicas, explantes provenientes de hojas jóvenes y segmentos de tallos probando diferentes combinaciones de auxinas (2,4 D) y citoquininas (BAP), sobre el medio Murashige y Skoog (1962). Se ajustó un protocolo de desinfección, inducción y regeneración in vitro. La respuesta se interpretó estadísticamente mediante ANOVA y prueba de significancia de Duncan al 5%. Se obtuvieron respuesta a los medios MS + 2,4D (2 mg/l), diferenciándose el cv Cusi Cusi. En las combinaciones de medios: MS + 2,4 D (0.5mg/l + BAP 0.01mg/l), respondieron los cv. Cusi Cusi, var. Real, cv. A014, var. Ingapirca. En combinaciones MS + 2,4 D (0.5mg/l + BAP 0.1mg/l) y MS + 2,4 D (0.5mg/l + BAP 1 mg/l) respondieron las variedades Real e Ingapirca. En la combinación MS + 2,4 D (0.5mg/l + BAP 3 mg/l) respondieron los cv. Cusi Cusi, var. Real, A014, var. Ingapirca. En todos los casos la variedad que no respondió a los medios ensayados fue Kamiri. Fue posible la obtención de regenerantes por callos originados desde hojas de los cultivares citados.

## GENEALOGÍA Y PORCENTAJE DE FIBRA DE PROGENITORES EMPLEADOS EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CAÑA DE AZÚCAR

Tejedor MT<sup>1</sup>, A Acevedo<sup>1</sup>, L Erazzú<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Suelos, Centro de Investigación de Recursos Naturales, Castelar, Buenos Aires, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. <sup>2</sup>Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, Tucumán, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.  
e-mail: tejedor.matias@inta.gob.ar

Tradicionalmente, la caña de azúcar (CA, *Saccharum* spp.) ha sido la fuente para la producción de azúcar en el país, por lo que la selección de genotipos privilegió el rendimiento de tallos y azúcar (ton/ha). A su uso primario, se suma actualmente su potencial empleo como materia prima para producir bioetanol 2G. Esta nueva utilidad trae consigo el objetivo de ampliar la base de caracterización de aquellas especies vegetales que, como en el caso de CA, pueden ser seleccionadas para producir azúcar, energía o ser doble propósito. Por ello, se determinó el % de fibra y se analizó la genealogía de 14 cultivares de CA conservados *in situ* en la EEA INTA Famaillá, Tucumán, Argentina. Dos grupos surgieron fruto de la clasificación por origen de los genotipos: el argentino (AR) y el americano (AM). LCP 85-384 (AM) ocupa el 76% de la superficie plantada en Tucumán. Si bien los cultivares analizados derivan de cruzamientos entre especies que conforman el grupo *Saccharum*, los resultados muestran que la participación de *S. officinarum*, *S. robustum*, *S. sinense* y *S. spontaneum* en las genealogías de los AR difirió respecto de AM. No obstante, las variedades con mayor participación en las genealogías de los cultivares de ambos grupos correspondieron a *S. officinarum*. En general, los cultivares AR exhiben genealogías más reducidas que los AM, debiéndose ello en parte a que las genealogías de los cultivares del grupo AR están parcialmente contenidas dentro de las genealogías de los cultivares del grupo AM. Se informa el % de fibra y se discuten relaciones con otros caracteres de biomasa.

## DISEÑO Y EVALUACIÓN DE NUEVOS MARCADORES MOLECULARES IRAPS EN GIRASOL

Sensolini R<sup>1</sup>, E Altieri<sup>1</sup>, M Bulos<sup>1</sup>. <sup>1</sup>NIDERA S.A.  
e-mail: rsensolini@nidera.com.ar

El girasol (*Helianthus annuus* L.) es un sistema modelo para estudios genómicos en la familia Asteraceae ya que su germoplasma presenta una amplia variación en cuanto a caracteres de interés agronómico. El análisis de diversidad del germoplasma en esta especie se ha llevado a cabo usando isoenzimas y marcadores de ADN basados en PCR. Los componentes repetitivos del genoma de eucariotas consisten fundamentalmente de retrotransposones (RTNs). El objetivo de este trabajo es diseñar marcadores tipo IRAP basados en secuencias de RTNs *Copia* y *Gypsy* de girasol para ampliar la base de marcadores disponibles para el cultivo, y seleccionar las combinaciones que mayor información generen en cuanto a la diversidad genética de diferentes cultivares de girasol. Para esto, se realizó el análisis de secuencias LTRs de 10 clones BACs públicos y 5 propietarias (Nidera S.A). Un total de 88 secuencias LTRs fueron alineadas y sus regiones consenso fueron usadas para diseñar cebadores. Dada la cantidad de combinaciones posibles entre cebadores se eligieron 94 de éstas (públicas y propias) para hacer una selección inicial en geles de agarosa y así elegir aquellas que presentaban mayor polimorfismo entre los materiales evaluados. Las 45 combinaciones selectas en agarosa fueron evaluadas en geles de poliacrilamida sobre dos líneas públicas bien divergentes. En base al nivel de polimorfismo observado, 44 de estas combinaciones serán utilizadas en una próxima etapa para analizar 40 genotipos públicos de girasol en una plataforma *LiCor 4300*.

## MAPEO POR ASOCIACIÓN PARA EL ESTUDIO DE LA RESISTENCIA A *Sclerotinia sclerotiorum* EN GIRASOL

Filippi CV<sup>1,2</sup>, N Aguirre<sup>1</sup>, JE Zubrzycki<sup>1,2</sup>, D Cordes<sup>3</sup>, JG Rivas<sup>1</sup>, C Maringolo<sup>4</sup>, A Puebla<sup>1</sup>, F Quiroz<sup>4</sup>, D Alvarez<sup>3</sup>, HE Hopp<sup>1</sup>, A Escande<sup>4</sup>, RA Heinz<sup>1,2</sup>, VV Lia<sup>1,2</sup>, NB Paniego<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA Cautelar. <sup>2</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CONICET. <sup>3</sup>EEA INTA Manfredi. <sup>4</sup>EEA INTA Balcarce. e-mail: filippi.carla@inta.gob.ar

El mapeo por asociación (MA) es un método de mapeo de QTL que tiene el potencial de alcanzar resolución a nivel de genes individuales implicados en características cuantitativas complejas. En contraste con el mapeo biparental clásico de QTL, los métodos de MA pueden detectar relaciones entre variaciones fenotípicas y polimorfismos génicos existentes en colecciones de germoplasma, sin la necesidad del desarrollo de poblaciones de mapeo. Este trabajo tiene por objetivo la identificación de genes involucrados en la defensa a la podredumbre húmeda del capítulo (PHC) causada por *Sclerotinia sclerotiorum* utilizando la estrategia de MA basada en el análisis de genes candidato. Un conjunto de 137 líneas endocriadas de girasol fueron genotipificadas con un panel de 384 SNPs basado en la tecnología *Golden Gate/Veracode* (Illumina) y un conjunto de 30 genes candidato (GC) seleccionados por su participación en procesos de defensa a *S. sclerotiorum* en estudios de expresión diferencial. Se determinó la presencia de estructura genética en la población utilizando un panel de 42 SSR. Las medidas fenotípicas evaluadas fueron incidencia y severidad de la enfermedad registradas durante cinco campañas (2009–2014) y utilizando inoculación asistida con esporas del hongo. Análisis estadísticos llevados a cabo utilizando el *software TASSEL* permitieron la identificación de 4 GC relacionados con reducción en la incidencia de PHC y uno relacionado con menor severidad a través de la estrategia de MA ( $p < 0,01$ ). Los marcadores asociados a estos QTL podrán ser usados en el mejoramiento asistido del cultivo.

## LA RESISTENCIA A *Sclerotinia* EN CAPÍTULO Y LOS COMPONENTES DE RENDIMIENTO EN GIRASOL

Castano F<sup>1</sup>, MA Giussani<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias-UNMDP, Balcarce, Buenos Aires. e-mail: castano.fernando@inta.gob.ar

El objetivo del trabajo fue conocer si el nivel de resistencia a la Podredumbre blanca del capítulo (PBC), provocada por *Sclerotinia sclerotiorum*, afecta a los componentes del rinde de híbridos de girasol en ausencia de dicha enfermedad. Se utilizaron 46 cruzamientos prueba que se ubicaron en un DBCA con dos repeticiones. Se inocularon 15, de 20 plantas/parcela, y se cuantificaron los componentes de resistencia: Incidencia-INC, Período de incubación relativo-PIR, Severidad: a los 40 días-SEV40 y máxima-SEVmx, y Crecimiento diario de la lesión-CDL. Desde las 5 plantas restantes (no inoculadas), se estimó el promedio/parcela del número-NG, peso-PG y contenido de aceite-AC de los granos/capítulo. El único año de ensayo mostró efectos significativos de híbridos para todas las variables consideradas. Al correlacionar los componentes de la resistencia con los del rendimiento, el análisis mostró que el 87% de los coeficientes (13/15) no eran distintos de cero. La independencia entre variables, marcada por una mayoría de correlaciones no significativas, sugiere que el nivel de resistencia de los híbridos crecidos en ambientes que no predisponen a la aparición de la PBC podría no influir desfavorablemente sobre algunos componentes del rendimiento. No habría pues costo biológico para la planta. Si bien ensayos adicionales ayudarán a validar o no este supuesto, el hecho que la resistencia a la PBC no condicione a ciertos componentes del rinde, insinúa, además, que la acumulación de genes favorables para rendimiento y resistencia a la PBC es posible en un mismo genotipo.

## IDENTIFICACIÓN DE QTLs ASOCIADOS A RESISTENCIA A LA PODREDUMBRE HÚMEDA DEL CAPÍTULO EN GIRASOL

Zubrzycki J<sup>1,2</sup>, C Maringolo<sup>3</sup>, C Filippi<sup>1,2</sup>, V Lia<sup>1,2</sup>, N Aguirre<sup>1</sup>, F Quiróz<sup>3</sup>, J Rivas<sup>4</sup>, E Hopp<sup>1</sup>, A Escande<sup>3</sup>, R Heinz<sup>1,2</sup>, G Cervigni<sup>2</sup>, N Paniego<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA-Inta Castelar. <sup>2</sup>CONICET. <sup>3</sup>Unidad Integrada INTA Balcarce.

e-mail: zubrzycki.jeremias@inta.gob.ar

La podredumbre húmeda del capítulo (PHC) en girasol, ocasionada por *Sclerotinia sclerotiorum*, es una de las limitantes más importante en la producción de este cultivo. El objetivo de este trabajo es identificar regiones genómicas involucradas en la resistencia a PHC mediante el mapeo de QTL en una población de líneas recombinantes endocriadas (RILs) obtenidas del cruzamiento de PAC2 (MR) x RHA266 (S). Se evaluaron fenotípicamente las RILs registrándose la incidencia (IE), severidad (S) y período de incubación (PI) de la enfermedad durante 4 campañas, utilizando inoculación asistida y un diseño en bloques incompletos al azar con tres repeticiones. Las RILs fueron genotipificadas utilizando AFLPs, SSRs y SNPs. Para estos últimos, se utilizó un ensayo multiplexado de 384 SNPs (tecnología *Golden Gate/Veracode, Illumina*), desarrollado sobre genes candidatos (GC) asociados a resistencia a estrés. La construcción del mapa genético (LOD=4, R=0,35) se realizó con el programa Carthagene (v0.99). Se incorporaron 62 SNPs al mapa distribuidos de manera uniforme sobre los 17 grupos de ligamiento (GLs). El mapeo de QTLs se realizó con un mapa de 576 marcadores y la matriz de fenotipos para IE. Análisis preliminares detectaron QTLs relacionados con niveles bajos de incidencia a PHC en los GLs 2, 7, 10, 14, y 15 (LOD $\geq$ 3). Fue posible la identificación de QTLs vinculados a características de resistencia a PHC en diferentes GLs del mapa. El mapeo de GCs a través del ensayo multiplexado de SNPs permitió robustecer la identificación de nuevas regiones genómicas involucradas en la resistencia.

## VARIABILIDAD GENÉTICA EN UNA F<sub>3</sub> DE LA CRUZA ENTRE CULTIVARES DE SOJA CONTRASTANTES EN NODULACIÓN

Salvucci RD<sup>1</sup>, MB Aulicino<sup>2</sup>, E Altieri<sup>3</sup>, C Sala (†)<sup>3</sup>, PA Balatti<sup>1,4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE)-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. <sup>2</sup>Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. <sup>3</sup>Departamento de Biotecnología, Nidera Semillas SA. <sup>4</sup>Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. e-mail: dariosalvucci@yahoo.com.ar

La fijación de nitrógeno, resultado de la simbiosis rizobio-soja, contribuye a mantener el nivel de N del suelo, conduciendo a la sustentabilidad de los sistemas productivos. Con el fin de seleccionar genotipos altamente nodulantes, se evaluó la asociación entre variables de biomasa y nodulación y se estimaron parámetros genéticos en una F<sub>3</sub>, producto de cruzar un cultivar de alta con otro de baja nodulación. Se evaluaron en un diseño aleatorizado 94 familias F<sub>3</sub>, que se inocularon con *Bradyrhizobium japonicum* E109. Se determinó el peso seco aéreo (PSA), de la hoja (PSH) y del tallo (PST), altura de la planta (AP), número (NN) y peso seco de nódulos (PSN). Se realizó un ANOVA y se estimó la varianza genética, fenotípica y heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ). Se calcularon las correlaciones genéticas, fenotípicas y un análisis de coeficientes de paso. Existieron diferencias significativas entre familias para todas las variables. Los valores de  $H^2$  para PSA, PST, AP, NN y PSH fueron mayores a 0,71. Los valores de las correlaciones genéticas y fenotípicas fueron similares entre sí, señalando una varianza ambiental baja. La biomasa aérea se correlacionó con la masa de nódulos. El PSN tuvo un marcado efecto directo sobre el PSH (0,8) y efectos menores de 0,53 y 0,33 para PST y AP, respectivamente. La información obtenida aseguraría un avance genético en variables asociadas a capacidad de nodulación y brinda información para métodos de selección indirecta en programas de mejora.

## MODO REPRODUCTIVO DE LA SELECCIÓN ISSAI DE *Actinidia arguta* Y SU COMPATIBILIDAD CON *A. deliciosa*

Briguglio MA<sup>1,2</sup>, ON Marcellán<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP-EEA Balcarce, INTA). <sup>2</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires. e-mail: marcellan.olga@inta.gob.ar

El Baby kiwi (*A. arguta*) es una especie dioica que produce frutos comestibles muy pequeños con destacables propiedades nutraceuticas. Su alta sensibilidad al estrés hídrico se podría superar mediante el uso de portainjertos híbridos. Cruzamientos intraploides junto con rescate de embriones inmaduros permitieron obtener progenie interespecífica, aunque el éxito dependió de la combinación genotípica. Existe una selección hexaploide de *A. arguta*, Issai, que presenta el mismo nivel de ploidía que *A. deliciosa* y produce frutos sin necesidad de un polinizador. Debido a discrepancias entre investigadores sobre la autofertilidad de Issai, el objetivo de este trabajo fue analizar aspectos relacionados con el modo reproductivo de una introducción de dicha selección. Para ello, (a) se analizó la viabilidad del polen de Issai mediante la técnica de tinción de Petersen, (b) se evaluó la autofertilidad de Issai cubriendo flores sin emasculando y observando la eventual formación de frutos y (c) se realizaron cruzamientos controlados entre Issai y 4 polinizadores de *A. deliciosa*. El polen de Issai fue totalmente estéril, pero se cosecharon frutos que no poseían semillas demostrando su origen partenocárpico. Estos frutos resultaron más pequeños que los obtenidos por polinización artificial (3,5 vs 6,5g) hallándose una correlación significativa (0,7) entre peso de fruto y número de semillas. En todas las combinaciones genotípicas interespecíficas se obtuvieron semillas viables, por lo que la hibridación convencional es factible en un programa de obtención de portainjertos híbridos.

## SELECCIÓN POR DESARROLLO RADICAL DE PORTAINJERTOS PARA BABY KIWI (*Actinidia arguta*)

Briguglio MA<sup>1,2</sup>, CA Godoy<sup>1</sup>, ON Marcellán<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (Facultad de Ciencias Agrarias UNMdP-EEA Balcarce, INTA). <sup>2</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires. e-mail: mabriguglio@hotmail.com

La disponibilidad de portainjertos de kiwi a nivel mundial es escasa. El sistema radical del baby kiwi explora un volumen de suelo muy limitado. Una estrategia interesante es utilizar portainjertos pertenecientes a otras especies de *Actinidia* o incluso híbridos que, por su mayor vigor, aseguren una buena implantación y establecimiento. Con el objetivo de definir los criterios de evaluación y selección de los futuros portainjertos se analizó la correspondencia en caracteres relacionados con el desarrollo radical y aéreo entre *seedlings* (S, obtenida de semilla) y la primera generación clonal (PGC, obtenida de esquejes herbáceos). El ensayo se realizó en cámara de cultivo con 15 genotipos con desarrollos radicales contrastantes. Las mediciones de la parte aérea y radical (a través del programa WinRhizo) se sometieron a análisis uni y multi-variados, y de correlaciones. Se observó gran variabilidad fenotípica en la PGC que se correspondió con coeficientes de correlación entre S y PGC bajos aunque significativos, obteniéndose coeficientes del orden de 0,3-0,4 entre “área foliar/peso seco raíz” de S y “longitud total de raíces”, “longitud de raíces con diámetro menor a 1mm” y “área radical” de las PGC, y entre áreas radicales de S y PGC. Probablemente la alta variación no heredable se relacione con un posible efecto topofísico sobre el desarrollo de las plantas clonadas y con la interacción genotipo x ambiente. Mientras no se controle esta variación y a fin de evitar perder genotipos superiores, en generaciones tempranas solo se deberían descartar aquéllos con defectos serios.

## ESTRUCTURA DE LA VARIACIÓN MOLECULAR EN CLONES DE BANANA (*Musa acuminata*) CARACTERIZADOS POR AFLP

Ermini JL<sup>1,3</sup>, G Tenaglia<sup>2</sup>, E Madelón<sup>3</sup>, GR Pratta<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>CONICET. <sup>2</sup>Ministerio de Educación de la Provincia de Formosa. <sup>3</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias UNR, CC14 S2125ZAA Zavalla, Provincia de Santa Fe, Argentina.  
e-mail: joseluis.ermi@unr.edu.ar

El objetivo fue determinar la estructura de la variación molecular (VM) en 52 clones recolectados en campos de agricultores formoseños, incluyendo materiales autotriploides (AAA) y alotriploides (AAB). Se usaron como testigos cuatro variedades AAA procedentes del exterior, introducidas experimentalmente en Formosa. Se aplicó el Análisis Molecular de la Variancia (AMOVA) a los perfiles de AFLP para determinar el efecto de diferentes criterios de clasificación (poliploidía, uso y origen) sobre la estructura de VM entre y dentro de las subpoblaciones que se pueden diferenciar mediante tales criterios. Se usaron 400 permutaciones para el cálculo del valor p asociado con cada término del modelo de AMOVA. De acuerdo a poliploidía, se originaron dos subpoblaciones (AAB y AAA), existiendo un 26,09% de VM entre y un 73,91% dentro de subpoblaciones. Al clasificar según el uso, se diferenciaron tres subpoblaciones: banana para cocción (clones AAB) y bananas para consumo en fresco de cultivo extensivo (clones AAA) y experimental (testigos AAA), respectivamente. En este caso, el 33,11% de VM se debió a diferencias entre y el 66,89% a diferencias dentro de subpoblaciones. Al discriminar según el origen (campo de recolección) se diferenciaron 8 subpoblaciones y se observó un 32,12% de VM entre y un 67,81% de VM dentro, obteniendo una estructura muy similar a la anterior. Estos resultados indican que la mayor VM entre subpoblaciones se encuentra con el criterio de clasificación uso y sugieren que los agricultores han intercambiado libremente el material vegetal que cultivan en sus campos.

## ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE FRUTILLA INDUCIDOS POR UNA ESTIMULACIÓN MECÁNICA LEVE

Tomas-Grau RH<sup>1</sup>, M Perato<sup>1</sup>, V Hael-Conrad<sup>1</sup>, MF Guerrero-Molina<sup>1</sup>, MG Martínez-Zamora<sup>1</sup>, JC Díaz-Ricci<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Inst. Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO), CONICET-UNT, e Inst. de Qca. Biológica "Dr. Bernabé Bloj", Fac. de Bioqca., Qca. y Feia., UNT.  
e-mail: ro\_tomasgrau@hotmail.com

Las plantas poseen la capacidad de activar mecanismos de defensa frente a distintos tipos de estreses bióticos y abióticos. Se ha determinado en hojas de *Arabidopsis thaliana*, que la estimulación mecánica leve (del inglés: *Soft Mechanical Stimulation*, SMS) activa en las mismas una respuesta inmune frente al patógeno *Botrytis cinerea*. El objetivo del presente trabajo fue estudiar la inducción de respuestas de defensa mediante SMS en hojas de frutilla. Para lo cual se llevó a cabo un estudio de la expresión de genes inducidos por SMS. Se utilizaron plantas de frutilla (*Fragaria ananassa* cv. Pájaro) saneadas por cultivo *in vitro* de cuatro meses de edad cultivadas en condiciones controladas (70% HR, 25° C, 16 h de luz). Una hoja de cada planta (3 por tratamiento) fue estimulada por SMS y se incluyeron plantas control que no fueron tratadas. El gen *FaPR1* que codifica la proteína relacionada a patogénesis PR1 fue regulado positivamente por el tratamiento con SMS. Asimismo, se determinó la inducción de los genes *FaOGBG5* y *FaCHI2.2* codificantes de una glucanasa y quitinasa, respectivamente, lo cual indicaría una mayor expresión de proteínas de defensa. Se observó también la regulación positiva del gen *FaACS* (ACC sintasa), sugiriendo la activación de la síntesis de etileno, y del gen *FaCAT* (catalasa) indicando la activación de esta enzima depuradora de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. Estos resultados indicarían la activación de una respuesta de defensa; concluyendo que SMS activaría la inmunidad innata de las plantas de frutilla.

## EVALUACIÓN DE NUEVOS CULTIVARES DE NOGAL INTA EN DISTINTAS ZONAS AGROCLIMÁTICAS DE CATAMARCA

Prataviera AG<sup>1</sup>, JJ Cólica<sup>1</sup>, AA Toro<sup>1</sup>, DE Carabajal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA-EEA Catamarca.

e-mail: toro.alejandro@inta.gob.ar

El nogal, *Juglans regia* L., fue introducido en el siglo XVI y hasta 1982 predominaban plantas de nuez tipo “Criolla” con rendimientos de 800Kg/Ha y poblaciones dispersas de Franquette, Turk, Mayette, Payne, Sorrento, Eureka y Wilson Wonder. En 1983 se introdujeron variedades “californianas” de fructificación lateral, productivas y de buena calidad de nuez. Este germoplasma constituyó la base del programa de mejora genética. Los caracteres seleccionados fueron precocidad de producción, fructificación lateral, tamaño de nuez y rendimiento de pepita. Las variedades INTA fueron caracterizadas de acuerdo a INASE: Argentina (Franquette *seedling* x Howard), Catamarca (selección semilla de Franquette), California (UC59-124 x Serr), Chichi Jais (selección local de semilla), Choya (Marchetti *seedling*), Davis (Ashley x Serr), Denett (Howard x Mayette *seedling*), Jais Franquette (Franquette *seedling*), Jais Mayette (Mayette *seedling*), Ramillete (*Sunland seedling*), Trompito (Lompoc x Uc49-46) y Yaco Tula (Howard x Chandler). Se verificaron rendimientos superiores a 2800Kg/Ha; tamaño de nuez entre 11,10g y 18,80g; índice de redondez entre 0,60 y 0,86; rendimiento de pulpa entre 37% y 52%; producción de mariposa clara-extra clara en el 80% al 100% de las nueces. Debido al buen comportamiento agronómico-productivo en las zonas nogaleras evaluadas (800-1800 msnm), estas variedades podrían cubrir la producción de nueces en áreas donde las variedades comerciales resultarían inadecuadas, o bien ampliar las fronteras del cultivo hacia nuevas zonas donde la altura compensaría la baja latitud.

## REDES NEURONALES ARTIFICIALES EN LA SELECCIÓN DE CLONES DE *Eucalyptus* spp.

Arriel DAA<sup>1</sup>, EAV Zauza<sup>2</sup>, LMS Guimarães<sup>3</sup>, LL Bhering<sup>4</sup>, AC Alfenas<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento,

Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brasil.

<sup>2</sup>Suzano Papel e Celulose S.A., CEP 45995-000, Teixeira de Freitas,

BA, Brasil. <sup>3</sup>Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de

Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brasil. <sup>4</sup>Departamento de Biologia

Gral. Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG,

Brasil.

e-mail: daniarriel@hotmail.com

Los objetivos de este estudio fueron evaluar la eficacia de las redes neuronales artificiales (RNAs) para predecir el volumen de plantas de *Eucalyptus* spp. y su impacto en la selección de clones superiores utilizando datos de DAP. El análisis fue realizado empleando datos de un ensayo clonal conformado por 80 clones, con 5 plantas por parcela y 4 bloques, a los 3, 4 y 5 años de edad, concedidos por la empresa Suzano Celulose e Papel. Para evaluar la eficiencia de las RNAs en la estimación del volumen a partir del DAP fueron simulados dos escenarios con el *software* STATISCA 12.0. Primeramente, fue medida la altura de todas las plantas en uno de los bloques del experimento y luego fueron utilizadas RNAs para estimar el volumen de las plantas de los otros bloques. En el segundo escenario fue reducido gradualmente el número de plantas en cada bloque a 80, 60, 40 y 20% y utilizadas las RNAs para estimar el volumen de las plantas restantes. Posteriormente se comparó el ranking de los mejores clones utilizándose el volumen original, y el volumen estimado empleando RNAs a través del programa Genes. En ambos escenarios, se produjo un índice de coincidencia de 87,5% en la selección de los mejores clones al ser comparados los datos originales con los datos estimados, mostrando el potencial de la técnica para reducir los costos sin comprometer la eficiencia de la selección. Se espera que con un mejor entrenamiento de la red neural y que con el uso de una base de datos más grande, la tasa de coincidencia aumente entre los datos originales y los estimados.

## PROTOCOLO DE EXTRACCIÓN DE ARN DE LA INTERACCIÓN *Eucalyptus grandis*-*Ceratocystis fimbriata*

Leguizamo Betancourth BM<sup>1</sup>, A da Silva Xavier<sup>2</sup>, EA Valverde Zauza<sup>3</sup>, S Oda<sup>3,4</sup>, LMS Guimarães<sup>2</sup>, P Alfenas Zerbine<sup>4</sup>, A Couto Alfenas<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brazil.

<sup>2</sup>Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brazil. <sup>3</sup>Suzano Papel e Celulose S.A., CEP 45995-000, Teixeira de Freitas, BA Brazil. <sup>4</sup>Departamento de Microbiologia, Laboratório de Microbiologia Industrial, Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brazil.

e-mail: blancamlb06@gmail.com

Para entender el proceso infeccioso en la interacción *Eucalyptus grandis*-*Ceratocystis fimbriata* se estandarizó un método eficaz para la obtención de ARN total integro con buena calidad y pureza a partir de muestras de tejido de tallo. Fue establecida la asociación patogénica entre *C. fimbriata* y clones resistentes y susceptibles de eucalipto a la marchitez vascular causada por *Ceratocystis*. Se establecieron *Pools* de plantas resistentes con lesiones inoculadas y no inoculadas y *pools* de plantas susceptibles con lesiones inoculadas y no inoculadas. Fueron colectadas muestras en el punto de la inoculación 6, 12, 18, 24 y 30 HDI, congeladas inmediatamente en nitrógeno líquido y almacenadas a -80° C. Estas muestras fueron maceradas y realizadas extracciones de ARN total por medio de tres métodos. ARN fueron cuantificados en Nanodrop 2000 y su integridad verificada en Bioanalyzer 2100 y por electroforesis en gel de agarosa. ARN extraídos con el reactivo *Concert Plant RNA* (Invitrogen) presentaron mala calidad, probablemente debido al tipo de tejido, a la presencia de compuestos fenólicos y residuos orgánicos. Los ARN extraídos con *RNeasy Mini Kit* utilizando RLC (QIAGEN) mostraron concentraciones muy bajas. ARN extraídos con *Concert* y posterior purificación con el *RNeasy Mini Kit* utilizando RLC presentaron buena calidad, integridad en gel de agarosa, alta concentración y números de integridad (RIN)>7. Con el éxito en la obtención de ARN, el transcriptoma de la interacción *Eucalyptus* x *Ceratocystis* será estudiado por medio de secuenciación de próxima generación-Illumina.

## ACTUALIZACIÓN DE LA SELECCIÓN GENÓMICA EN POBLACIONES DE MEJORAMIENTO DE *Eucalyptus* LOCALES

García MN<sup>1,2</sup>, L Ornella<sup>3</sup>, EP Cappa<sup>2,4</sup>, PV Villalba<sup>1,2</sup>, CV Acuña<sup>1</sup>, MC Martínez<sup>1</sup>, J Oberschelp<sup>5</sup>, L Harrand<sup>5</sup>, MR Surenciski<sup>5</sup>, J López<sup>6</sup>, PS Pathauer<sup>4</sup>, MA Marcó<sup>5</sup>, HE Hopp<sup>1</sup>, SN Marcucci Poltri<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA-Castelar, Instituto de Biotecnología. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>3</sup>NIDERA. <sup>4</sup>INTA-Castelar, Instituto de Recursos Biológicos. <sup>5</sup>EAA-INTA Concordia. <sup>6</sup>EAA-INTA Bella Vista. e-mail: garcia.martin@inta.gov.ar

En especies forestales hay pocos reportes en selección genómica (SG) y en su mayoría están basados en simulaciones. Desde mediados de 2012, el INTA viene desarrollando estudios de concepto en ensayos de *Eucalyptus grandis* y *E. globulus*. Se evaluó el desempeño de seis metodologías de SG: 4 basadas en métodos de regresión (*Reproducing kernel Hilbert space*; *Ridge Regression* (RR); *Bayesian LASSO* (BL) y *Random Forest Regression*) y 2 basadas en métodos de clasificación (*Random Forest Classification*; *Support Vector Classification* con kernel lineal), sobre un cruzamiento F1 de *E. grandis*, evaluados para altura (TH), diámetro (DBH) y densidad de madera (DB). En una población de *E. globulus* con ensayos instalados en Uruguay se evaluó la incidencia de las relaciones de parentesco en la precisión de la predicción de tres caracteres (DBH, DB y lignina Klason). Por otro lado, se evaluó la factibilidad de predecir DBH y DB a través de ambientes mediante modelos generados con dos poblaciones de *E. globulus* con ensayos instalados en Argentina y Uruguay. Se encontraron diferencias significativas entre las metodologías evaluadas para todos los caracteres y conjuntos de marcadores. El mejor desempeño se obtuvo mediante BL y RR. En general, a mayor cantidad de marcadores, así como a mayor heredabilidad del carácter mayor es la precisión en la predicción. La presencia de medios hermanos entre poblaciones de entrenamiento y validación mejoró la precisión. El desempeño de los modelos desarrollados para la población de *E. globulus* de Argentina no fue extrapolable a la población de Uruguay y viceversa.

## VARIABILIDAD GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN TETRAPLOIDE SEXUAL SINTÉTICA DE *Paspalum notatum*

Zilli AL<sup>1,2</sup>, CA Acuña<sup>1,2</sup>, CL Quarin<sup>1,2</sup>, EJ Martínez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste-CONICET. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. e-mail: alexzilli@gmail.com

*Paspalum notatum* Flüggé es una gramínea americana con citotipos diploides sexuales y poliploides apomícticos. El citotipo tetraploide apomíctico es predominante y con amplia distribución en el continente. El mejoramiento por hibridación de los tetraploides apomícticos requiere de la existencia de tetraploides sexuales. En la naturaleza no se han encontrado plantas 4x sexuales y sólo fueron obtenidos unos pocos genotipos experimentales con una base genética muy estrecha. El objetivo de este trabajo fue medir la variabilidad genética de una población sexual sintética (4xSS) de *P. notatum*, generada a partir de la diversidad de los ecotipos 4x apomícticos, para conocer el avance genético con respecto al germoplasma sexual de partida. Primero se obtuvieron 10 familias F<sub>1</sub>s a partir del cruzamiento entre tres madres 4x sexuales (MS) y 10 padres 4x apomícticos (PA). La población 4xSS fue generada por el inter-cruzamiento entre 29 híbridos F<sub>1</sub> sexuales, fenotípicamente diversos, obtenidos de las diferentes familias. La población 4xSS se conformó con 304 plantas y su variabilidad fue medida con marcadores de microsatélites y mediante el uso del software *Info-Gen*. Se evaluaron 3 primers que generaron un total de 40 alelos. Los porcentajes de loci polimórficos de la población 4xSS, MS y (MS-PA) fueron de 95%, 42,5% y 80%; mientras que los valores de heterocigosis insesgada de Nei fueron de 0,32, 0,23 y 0,28 respectivamente. Esto demuestra la ampliación de la base genética del germoplasma 4x sexual de *P. notatum* transferida desde los ecotipos 4x apomícticos.

## FRECUENCIA Y DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE CITOTIPOS DE *Paspalum unispicatum* SCRIBN. Y MERR.

Sartor ME<sup>1</sup>, C Quarin<sup>1</sup>, I Recalde<sup>1</sup>, MH Urbani<sup>1</sup>, F Espinoza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes, Argentina. e-mail: maritasartor@hotmail.com

*Paspalum unispicatum* se encuentra distribuida desde México hasta Argentina, incluyendo Cuba. Aunque ha sido descrita como una especie tetraploide (4x), se han encontrado plantas diploides (2x) y triploides (3x) en la región fitogeográfica Chaqueña de nuestro país. El objetivo de este trabajo fue analizar la distribución y representatividad de los citotipos en las poblaciones naturales dentro de esta región. Se colectaron entre 29 y 68 plantas de seis poblaciones: Avia Terai (P1), Colonia José Mármol (P2) y El boquerón (P3) en el Chaco, Ibarreta (P4) y Pozo del Tigre (P5) en Formosa y Metán (P6) en Salta, todas en Argentina. En P1 y P3 se encontraron exclusivamente individuos 2x, mientras que P6 resultó ser una población exclusivamente 4x. En las poblaciones restantes se registró una gran representación del citotipo 3x. Mientras que P4 fue exclusivamente 3x, en P2 el 75% de los individuos fueron 3x y el 25% fueron 2x; y en P5, el 75% fueron 3x y el 25% 4x. Estos resultados sugieren que en la región fitogeográfica Chaqueña se encuentra el centro de origen de los poliploides de esta especie, y que la triploidía no solo actúa como un puente para el flujo genético entre diploides y tetraploides, sino que en combinación con la apomixis, en esta especie, puede constituir un sistema exitoso de adaptabilidad. El sistema funciona transfiriendo la variabilidad que se generaría en los 2x hacia los 4x mediante la fecundación de gametos no reducidos de los 3x con gametos reducidos de los 2x.

## MEJORAMIENTO MEDIANTE TRANSGÉNESIS DE *Paspalum dilatatum* POIR.: ACUMULACIÓN DE FRUCTANOS

Peralta Roa P<sup>1</sup>, J Guitian<sup>1</sup>, S Ghio<sup>1</sup>, G Spangenberg<sup>2</sup>, G Schrauf<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía, UBA, Av. San Martín 4453 1417-CABA, Argentina.

<sup>2</sup>Department of Environment and Primary Industries AgriBio, Centre for AgriBioscience, 5 Ring Road, La Trobe University, Bundoora VIC 3083, Australia.

e-mail: pperalta@agro.uba.ar

*Paspalum dilatatum*, es una forrajera nativa de excelente calidad dentro de las gramíneas C4. Su difusión para ser implantada en pasturas se ha visto limitada por su baja producción de semillas, debido a la susceptibilidad a *Claviceps paspali*. Mediante el desarrollo de un programa de mejoramiento, la Cátedra de Genética de la FAUBA ha logrado seleccionar genotipos que combinen un alto peso de semilla con una escasa susceptibilidad a *C. paspali*. Sin embargo, se ha observado que dicho cultivar presentó mayor susceptibilidad a heladas y menor calidad forrajera. Es conocida la asociación entre el contenido de fructanos con calidad forrajera y tolerancia a heladas, sin embargo las gramíneas C4 no producen fructanos. Por tanto, la transgénesis se convierte en una alternativa para superar estos problemas. Se planteó la incorporación en *P. dilatatum* de genes que codifiquen dos fructosiltransferasas provenientes de *Lolium perenne*, Lp1-SST para la formación de 1-kestosa, y Lp6G-FFT que convierte 1-ketosa en fructanos. Se transformaron por biolística callos embriogénicos de *P. dilatatum* con los genes *Lp1-sst* y *Lp-6G-fft*, se analizó la presencia de los transgenes en los regenerantes mediante qPCR, resultando 36 eventos transgénicos. La actividad enzimática de las fructosiltransferasas en las plantas fue analizada por cromatografía en capa delgada encontrándose diferencias cualitativas entre sí y respecto a los controles. Estos ensayos permiten seleccionar los mejores eventos para contrastarlos en un futuro inmediato en condiciones de estrés abiótico y evaluar su calidad forrajera.

## NIVELES DE EXPRESIÓN DE LA APOMIXIS EN HÍBRIDOS TETRAPLOIDES DE *Paspalum notatum*

Marcón F<sup>1</sup>, AL Zilli<sup>1</sup>, EA Brugnoli<sup>1</sup>, SC Ferrari<sup>2</sup>, EJ Martínez<sup>1</sup>, CA Acuña<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste. <sup>2</sup>EEA-INTA Corrientes.

e-mail: abrugnoli@agr.unne.edu.ar

En *Paspalum notatum* una de las opciones para el mejoramiento genético es la obtención de híbridos apomícticos heteróticos con un alto nivel de expresión del carácter. Se ha observado que en cruzamientos entre plantas sexuales y apomícticas la progenie segrega por modo de reproducción. Además, los híbridos apomícticos resultantes difieren en la expresión de este carácter. El objetivo fue evaluar la expresión de la apomixis, en híbridos tetraploides apomícticos de *P. notatum*. Se realizaron 10 combinaciones entre genotipos 4x sexuales y ecotipos 4x apomícticos. Se obtuvieron 473 híbridos, los cuales fueron clasificados por su modo de reproducción, mediante marcador molecular específico de la apomixis. La expresión de la apomixis fue estimada, a partir de la observación de sacos embrionarios maduros. La distancia genética entre los progenitores fue estimada con marcadores de ISSR. Se identificaron 92 híbridos apomícticos. La expresión de apomixis varió entre 4% y 100%, con un valor medio del 51%. Se observaron altos niveles de expresión (de 75 a 100%). La distancia genética entre progenitores varió de 0,36 a 0,58 índices de Jaccard. La correlación de distancia genética entre progenitores y expresión de la apomixis de la progenie fue significativa ( $r=0,5$ ,  $p<0,001$ ). La obtención de híbridos apomícticos de *P. notatum* con altos niveles de expresión de apomixis depende de la combinación de padres utilizados, siendo mayor el nivel de expresión cuando aumenta la distancia genética entre progenitores.

## CARACTERIZACIÓN REPRODUCTIVA DE UNA POBLACIÓN TETRAPLOIDE SEXUAL SINTÉTICA DE *Paspalum notatum*

Zilli AL<sup>1,2</sup>, V Guidalevich<sup>2</sup>, RR Schulz<sup>2</sup>, CL Quarin<sup>1,2</sup>, CA Acuña<sup>1,2</sup>, EJ Martínez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE.

<sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.

e-mail: ejmartinez16@gmail.com

*Paspalum notatum* Flüggé es una gramínea con razas diploides sexuales y poliploides apomícticos. En la naturaleza, los tetraploides (4x) apomícticos son los que predominan y no existen 4x sexuales. El objetivo de este trabajo fue caracterizar reproductivamente una población tetraploide sexual sintética (4xSS) de *P. notatum*. La población 4xSS fue generada a partir del inter-cruzamiento entre 29 F<sub>1</sub> sexuales, las cuales a su vez provienen de 10 familias obtenidas por cruzamientos entre tres genotipos sexuales experimentales y 10 ecotipos apomícticos. El modo de reproducción de la población 4xSS fue determinado en 304 individuos, mediante un marcador de RAPD 100% ligado a apomixis. Luego fue corroborado en una muestra al azar de 30 individuos, mediante la técnica de clarificado de ovarios y posterior observación de los sacos embrionarios con microscopio con dispositivo Nomarski. Un total de 302 plantas de la población 4xSS no amplificaron el marcador de RAPD. Se detectó la presencia del marcador en sólo dos plantas. Una de estas plantas mostró sacos embrionarios apospóricos, mientras la otra no fue analizada. El resto de las 29 plantas analizadas por citoembriología mostraron sacos de origen meiótico. Los resultados observados demuestran que la población 4xSS es básicamente de reproducción sexual, con excepción de 2 plantas que resultaron ser apomícticas, las cuales podrían ser producto de contaminación. La generación de esta población 4xSS servirá de base para el inicio de un programa de mejora de la especie.

## DISTANCIA GENÉTICA ENTRE ESPECIES DEL GRUPO *Plicatula* DE *Paspalum* Y FERTILIDAD EN LA DESCENDENCIA

Novo PE<sup>1</sup>, CL Quarin<sup>1</sup>, CA Acuña<sup>1</sup>, F Espinoza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.

Corrientes, Argentina.

e-mail: patriciaenovo@gmail.com

El grupo *Plicatula* incluye unas 30 especies forrajeras silvestres. Algunas se usan en cultivo, pero el mejoramiento a través de cruzamientos y transferencia génica no fue utilizado en ninguna de ellas porque son mayormente tetraploides y apomícticas (4xA). El logro experimental de una planta tetraploide sexual (4xS) de *P. plicatulum* (4PT) permitió realizar cruzamientos intra e interespecíficos. Nuestro objetivo fue determinar la distancia genética (DG) entre *P. plicatulum* (4xS) y genotipos 4xA de especies del grupo *Plicatula* y correlacionarla con el grado de cruzabilidad y con la fertilidad de los híbridos. Usamos 24 genotipos 4xA de 12 especies diferentes para polinizar a 4xS. Corroboramos con marcadores RAPDs y características morfológicas el origen híbrido de los descendientes. La cruzabilidad entre 4xS y los 24 genotipos varió de 0 a 51,5%. Logramos 16 familias híbridas. La fertilidad de los híbridos fue variable, desde 1% y hasta 40% de espiguillas con grano. Mediante AFLP y usando 7 combinaciones de *primers* se generaron 200 marcadores con los que se calculó la DG con el programa Infostat entre 4xS y los polinizadores 4xA tanto intra como interespecíficos. Las DG oscilaron entre 0,34 (con *P. plicatulum* 4087) y 0,53 (con *P. oteroi*). Si bien no se encontró una correlación significativa entre DG, cruzabilidad y fertilidad de los híbridos, es destacable que 4 de las 5 especies con mayor DG respecto a 4PT mostraron cruzabilidad nula o muy baja. Los mayores valores de cruzabilidad y fertilidad de los híbridos aparecen entre las especies y genotipos con menor DG hacia *P. plicatulum* 4PT.

## EVALUACIÓN FENOTÍPICA DE GRAMÍNEAS MEGATÉRMICAS EN ZONA TEMPLADA

Menéndez YC<sup>1</sup>, MV Kandus<sup>2</sup>, D Almorza<sup>3</sup>, JC Salerno<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía, UBA. <sup>2</sup>Instituto de Genética "IGEAF", INTA Castelar. <sup>3</sup>Universidad de Cádiz, España.  
e-mail: kandus.mariana@inta.gob.ar

La ventaja productiva de las gramíneas megatérmicas en el periodo estival se debe a su mayor eficiencia en el uso del agua y menores tasas de transpiración. El objetivo del trabajo fue evaluar caracteres forrajeros en seis genotipos de distintas especies megatérmicas: *Brachiaria brizantha* cv. Toledo (To); *Panicum maximum* cv. Tanzania (Ta) y cv. Gatton Panic (GP); *Cenchrus ciliare* cv. Texas (Te); *Paspalum dilatatum* cv. Primo (Pr) y *Chloris gayana* cv. grama Pioneer (GPi). Se realizó un ensayo a campo en la FAUBA (34°35' S, 58°29' W) con un DCA con 3 repeticiones. Se evaluó la evolución de la radiación interceptada en función del tiempo térmico (Ri), la relación peso seco lámina/vaina (L/V), el número de macollos por planta (nM) y la oferta forrajera en g MS/m<sup>2</sup> (OF). Se detectaron diferencias significativas entre genotipos para las variables L/V, nM y OF. En relación con la Ri, los genotipos GP, GPi y Te interceptaron la radiación en forma más temprana, mientras que Pr fue el más tardío en esta característica. Los genotipos GP, GPi y Ta fueron los de mayor L/V lo cual estaría indicando una mayor calidad forrajera. Pr presentó un mayor nM, mientras que To y Te presentaron menores valores para esta característica. La OF de GP, Pr y To fue significativamente mayor a la del resto de los genotipos. Los resultados muestran que *Panicum maximum* cv. Gatton Panic podría ser uno de los genotipos recomendados para la zona templada por su buena aptitud forrajera.

## ANÁLISIS DE LA PRODUCCIÓN DE BIOMASA DE *Festuca arundinacea* SCHREBER A TRAVÉS DE SUS COMPONENTES

di Santo H<sup>1</sup>, E Grassi<sup>1</sup>, D Vega<sup>1</sup>, E Castillo<sup>1</sup>, A Ferreira<sup>1</sup>, V Ferreira<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.  
e-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

La importancia relativa de algunos componentes del rendimiento de biomasa de *Festuca arundinacea* Schr. se estudió en once poblaciones naturalizadas en la región subhúmeda-semiárida de Argentina, instaladas a campo en DCA. La búsqueda de explicaciones causales de las correlaciones entre producción de biomasa (PB) y los caracteres componentes altura (H), diámetro de la planta (DP), N° de macollos/planta (NMP) y densidad de macollos (DM) se efectuó mediante análisis de sendero. Las observaciones se realizaron en plantas individuales a través de tres cortes (1C-3C). Se efectuaron los análisis de covarianza, correlación simple y sendero. Se calcularon los coeficientes de determinación (R<sup>2</sup>) para cada corte y población. Las diferencias entre poblaciones fueron significativas para todos los caracteres, excepto en la PB en el 3C. La PB tuvo correlación alta y significativa con H, DP y NMP en 1C y 2C (valor de r entre 0,44-0,65). En 3C la PB tuvo alta correlación con H. Los R<sup>2</sup> calculados fueron 58,5% (RV 46,3%-81,0%) para 1C, 61,3% (RV 56,2%-81,0%) para 2C y 35,7% (RV 29,6%-95,8%) para 3C. Los efectos directos destacaron dos poblaciones en las que la PB se define a través de la H de la planta, una por el DP y otra por la DM; otra a través del DP y la DM y otras tres por el NMP. El análisis permitió determinar diferentes estrategias para la producción de biomasa. En etapas tempranas se define a través del diámetro de planta y el N° de macollos, mientras que en la etapa primaveral resultan más importantes la altura y el N° de macollos/planta.

## CAPACIDAD FORRAJERA DE POBLACIONES NATURALIZADAS DE *Festuca arundinacea* SCHREBER

Vega D<sup>1</sup>, H di Santo<sup>1</sup>, E Grassi<sup>1</sup>, E Castillo<sup>1</sup>, A Ferreira<sup>1</sup>, V Ferreira<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.  
 e-mail: juli\_vega22@hotmail.com

La festuca alta (*Festuca arundinacea* Schr.) se ha naturalizado en diversos ambientes. En la FAV-UNRC se analiza la capacidad forrajera de poblaciones colectadas en la zona pampeana subhúmeda-semiárida. La producción de biomasa de 11 poblaciones al inicio de la implantación se evaluó mediante un ensayo a campo con DCA, cuatro testigos (T1-T4) y una media de 19 plantas/población. Se analizó producción de materia seca (MS), porcentaje de MS (%MS), peso seco por macollo (PSM) en tres cortes (1C-3C) y suma de la biomasa de los tres cortes (S3C). Se efectuó análisis de la covarianza (covariable: biomasa aérea inicial), prueba DGC para diferenciar medias y análisis de conglomerados. La MS en tres cortes fue  $46,58 \pm 19,77 \text{ g.pl}^{-1}$  (15,9% en el primero, 25,0% en el segundo y 60,1% en el tercero). El amplio rango de variación observado (7,74-122,66  $\text{g.pl}^{-1}$ ) evidenció la variación fenotípica dentro y entre poblaciones. El PSM fue aumentando en cada corte, al igual que %MS, con mayor variación que la MS. Las poblaciones difirieron en todos los caracteres ( $p < 0,001$ ). La biomasa inicial tuvo efecto significativo hasta el segundo corte. Nueve poblaciones no presentaron diferencias significativas con los testigos T1 y T3 en la S3C. El análisis de conglomerados (correlación cofenética=0,889) agrupó los materiales en seis nodos; dos de ellos agruparon 10 poblaciones sin evidenciar un patrón de distribución geográfico de las colectas. El ensayo permitió caracterizar las poblaciones por su producción inicial de biomasa y confirmó amplia variación fenotípica entre las poblaciones.

## EVALUACIÓN DE FAMILIAS DE MEDIO-HERMANOS DE AGROPIRO ALARGADO MEDIANTE PARÁMETROS PRODUCTIVOS

Pistorale SM<sup>1</sup>, ML Acuña<sup>2,3</sup>, AN Andrés<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>UNLu. <sup>2</sup>INTA. <sup>3</sup>UNNOBA.  
 e-mail: susanapistorale@gmail.com

Agropiro alargado, en los últimos años, ha adquirido importancia por su adaptación a diversos ambientes. Atendiendo al mejoramiento de su producción de biomasa, capacidad de macollaje y producción de semilla se comenzó la evaluación y selección de materiales promisorios. El objetivo del estudio fue evaluar 15 familias de medio-hermanos (FMH) y un cultivar comercial a través de parámetros productivos. El ensayo fue en DBCA con 3 repeticiones, en planta aislada con 45 genotipos/FMH. Se realizó ANOVA, comparación de medias (Duncan), componentes principales (CP) y de conglomerados (CL), mediante SASv9.2. Las variables contempladas para el análisis fueron: número (N) de macollos (28/10/09 y 26/10/10), ancho de mata (cm-06/11/09), N de espigas, N de espiguillas/espiga, largo de espiga (cm), peso de mil semillas (g), rendimiento de semilla (Psem:g/planta), producción de materia seca acumulada de otoño-invierno (PSOI: g/planta). Para todas las variables en estudio existieron diferencias significativas ( $p < 0,0001$ ) a nivel familiar. Destacándose las FMH: 68, 79, 88, 606, 91 y 107 como las de mayor PSOI, y las FMH: 106, 79, 450, 431, 91, 107 y el cultivar fueron las de mayor Psem. En cuanto a los análisis multivariados, los resultados obtenidos fueron consistentes para ambos CP y CL, destacándose tres familias por su alto PSOI y su alta Psem (FMH: 79, 91 y 107). Estas familias se consideran materiales promisorios de ser incluidos en el programa de mejoramiento de la especie, destinado a cultivares altamente productivos tanto en rendimiento de semilla como de producción de forraje otoño-invernal.

## VARIABILIDAD EN PLASTICIDAD FENOTÍPICA FRENTE A SEQUÍA PARA DOS VARIEDADES DE *Panicum coloratum*

Giordano MC<sup>1</sup>, MA Tomas<sup>1</sup>, AA Grimoldi<sup>2</sup>. <sup>1</sup>EEA-INTA Rafaela. <sup>2</sup>IFEVA, Cátedra de Forrajicultura, Facultad de Agronomía, UBA. e-mail: giordanomabel@gmail.com

En ocho poblaciones de *P. coloratum* (cuatro correspondientes a la var. *coloratum* y cuatro a la var. *makarikariense*) se seleccionaron seis plantas para generar familias de medios hermanos. Las semillas se pusieron a germinar en cajas de petri y a los 10 días las plántulas fueron transplantadas a macetas. Se utilizó un diseño en bloques completos al azar con dos tratamientos (irrigado y sequía). Las plántulas se mantuvieron bajo riego abundante hasta su establecimiento y luego se aplicó el tratamiento de sequía por medio de la suspensión del riego durante 15 días. Se registró el peso seco de raíces, tallo y láminas. Se estimaron las relaciones: biomasa aérea/subterránea, lámina/raíz y lámina, tallo y raíz sobre biomasa total. Se estimó la plasticidad fenotípica (PF) como  $i = (X_{aj} - X_j) / (X_{aj} + X_j)$ . Siendo X el valor del individuo *a* en el tratamiento irrigado (*j*) y *X<sub>j</sub>* el promedio de los medios hermanos en el tratamiento sequía. Transformaciones a raíz cuadrada se aplicaron cuando fue necesario. Se realizó un análisis de la varianza con modelos mixtos con variedad como factor fijo y población como factor aleatorio. No se encontraron diferencias en PF entre las variedades para las variables analizadas ( $p=0,05$ ). Por otro lado, los parámetros de covarianza indicaron que la variabilidad en PF dentro de las poblaciones es mayor que entre las mismas. Los resultados son coherentes con el tipo de reproducción de la especie. En la etapa de implantación, ambas variedades aparentan mostrar PF similar frente a la falta de agua.

## RETRASO DE LA SENESCENCIA FOLIAR EN ALFALFA TRANSGÉNICA FRENTE A SALINIDAD

Gómez MC<sup>1</sup>, R Voutat<sup>1</sup>, CH Lisi<sup>1</sup>, VM Beltrán<sup>1</sup>, EM Pagano<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Castelar. e-mail: gomez.maria@inta.gob.ar

La senescencia es la fase final del desarrollo de las hojas que ocurre naturalmente o se induce por estrés. Una estrategia molecular para retrasar la senescencia se basa en la expresión regulada de la secuencia codificante para la isopentenil transferasa (IPT), enzima clave en la biosíntesis de citoquininas y antagonista de este proceso. En el Instituto de Genética del INTA se obtuvieron eventos de alfalfa que contienen el gen *ipt* bajo control del promotor inducible *SARK* que frente a la senescencia natural o ante condiciones de estrés permite la expresión del gen. Plantas transgénicas que mostraron un retraso significativo en la senescencia foliar en ensayos *in vitro*, fueron evaluadas frente a condiciones de estrés salino durante 2 meses en tratamientos de 0, 100, 200 y 300 mM de NaCl. Luego de este período se evaluó rebrote en los que cada uno de los tratamientos fue sometido a dos condiciones de riego: solución salina con concentración correspondiente al tratamiento y agua corriente. Los resultados obtenidos permiten indicar que los eventos transgénicos mostraron una amplia variabilidad en la senescencia foliar y desarrollo radicular luego de ser sometidos a estrés salino. Al menos 1 evento transgénico mostró un alto retraso de la senescencia en condiciones de mayor aporte de NaCl en comparación al control no transgénico, indicando un comportamiento de tolerancia frente a este estrés.

## IDENTIFICACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EXISTENTE EN UNA COLECCIÓN ACTIVA DE *Cenchrus* spp.

Griffa S, E López Colomba, A Ribotta, E Carloni, E Tommasino, M Quiroga, K Grunberg. Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV), CIAP-INTA. e-mail: sgriffa@yahoo.es

El género *Cenchrus* está distribuido por regiones áridas y semiáridas del mundo. En Argentina, existe una colección activa de germoplasma introducido y con la finalidad de obtener nuevas creaciones fitogenéticas mejoradas para producción forrajera, es primordial identificar parentales divergentes y promisorios. Debido a que no existen antecedentes de la evaluación conjunta de marcadores morfológicos y moleculares, los objetivos de este trabajo fueron: 1) evaluar variabilidad genética en 16 cultivares apomícticos y una línea sexual de *C. ciliaris*, *C. setigerus* y *C. sp.*, por 12 variables morfo-agronómicas, 30 cebadores ISSR y 13 combinaciones de cebadores SRAP polimórficos y 2) determinar el consenso entre los marcadores mencionados, mediante Análisis de Procrustes Generalizado. Se realizó Análisis de Componentes Principales para los marcadores morfológicos y Análisis de Coordenadas Principales para los moleculares. Las tres especies pudieron ser diferenciadas entre sí. Particularmente en *C. ciliaris*, la línea sexual se pudo discriminar por los tres tipos de marcadores, del resto de materiales analizados, mostrando la mayor distancia por SRAP, probablemente debido a la naturaleza del marcador. Molopo y Molopo (Anguil) fueron los más similares entre sí; mientras que Nunbank y Biloela fueron los más emparentados por SRAP y morfo-agronómicamente. El consenso entre los tres tipos de marcadores fue del 77%, evidenciando que las técnicas aplicadas resultaron ser igualmente útiles en la determinación de la variabilidad genética del género *Cenchrus*, para asistir a los programas de mejoramiento en la obtención de nuevos recursos genéticos.

## BASES GENÉTICAS DE UN SISTEMA CMS/RF EN *Calibrachoa pubescens* (SPRENG.) STEHMANN

Colombo N<sup>1</sup>, MA Coviella<sup>2</sup>, JC Hagiwara<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CNIA, CICVyA, INTA. Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Floricultura, CNIA, CIRN, INTA. Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. e-mail: colombo.noemi@inta.gob.ar

*Calibrachoa pubescens* es una especie nativa del sur de Brasil, Uruguay y el noreste argentino. La entrada identificada como 7.3.1.1 fue recolectada en el Departamento de San Martín, Corrientes, e incorporada al programa de mejoramiento del Instituto de Floricultura del INTA. El análisis genético de la androesterilidad observada en 7.3.1.1 demostró que resulta de la interacción entre un citoplasma androestéril (CMS) y genes nucleares restauradores de la fertilidad (*Rf*). La utilización de sistemas CMS/*Rf* en el mejoramiento de especies ornamentales permite aumentar la eficiencia de la producción de híbridos, incrementar la longevidad floral, reducir el efecto alergénico del polen y controlar la dispersión de especies invasoras. El objetivo de este trabajo fue determinar la base genética de la restauración de la fertilidad del citoplasma androestéril de *C. pubescens* 7.3.1.1. Se obtuvo la F<sub>1</sub> de cruza intraespecíficas entre la entrada androestéril 7.3.1.1 como madre y dos entradas de la misma población -D2 y D3- como dadoras de polen. Las plantas de la F<sub>1</sub> fueron retrocruzadas por el padre androfértil y autofecundadas. Se clasificaron las plantas individuales de las F<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub> y F<sub>2</sub> como androfértiles o androestériles mediante tinción del polen con diacetato de fluoresceína/ioduro de propidio y observación con microscopía de fluorescencia. El análisis de las segregaciones observadas permitió postular un modelo para explicar el modo de herencia de la restauración de la fertilidad en *C. pubescens* 7.3.1.1. Se demostró la existencia de ginodioecia en la población estudiada.

## HETEROSIS EN HÍBRIDOS APOMÍCTICOS DEL GRUPO *Plicatula* DE *Paspalum*

Loto RG, F Espinoza, CL Quarin, MH Urbani, CA Acuña. Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. e-mail: caalac77@gmail.com

Las técnicas conocidas para el mejoramiento genético de especies apomícticas apuntan a la fijación de híbridos superiores a través de la apomixis. Sin embargo, existen escasos reportes sobre la ocurrencia de heterosis en estas especies. En la actualidad existe la posibilidad de generar, caracterizar y evaluar aspectos productivos de híbridos apomícticos de *Paspalum*. El objetivo del trabajo consistió en la determinación de la ocurrencia de heterosis para características de importancia agronómica en un grupo de híbridos apomícticos del grupo *Plicatula* de *Paspalum*. Los híbridos fueron generados a partir de cruzamientos entre un genotipo tetraploide sexual inducido de *P. plicatulum* y cuatro genotipos tetraploides apomícticos (uno de *P. plicatulum* y tres de *P. guenoarum*). Un total de 88 híbridos identificados como apomícticos fue plantado a campo en conjunto con sus progenitores apomícticos en octubre 2011, siguiendo un diseño de bloques al azar con tres repeticiones. Entre marzo de 2012 y julio de 2013, se realizó la evaluación de varias características indicativas de la aptitud forrajera de estas plantas. Se observó que los híbridos no se diferencian significativamente de sus progenitores apomícticos al evaluar el crecimiento inicial, la producción estacional de forraje y la producción de semillas. Sin embargo, un grupo de híbridos que varió entre 80 y 90% en tres de las cuatro familias utilizadas presentaron heterosis positiva y significativa para tolerancia al frío. Esto indicaría que la heterosis en híbridos apomícticos de *Paspalum* no es un fenómeno común y depende del carácter en evaluación.

## ANÁLISIS MOLECULAR Y MORFO-AGRONÓMICO DEL CULTIVAR SANTANA INTA-PEMÁN

López Colomba E<sup>1</sup>, K Grunberg<sup>1</sup>, S Griffa<sup>1</sup>, C Bautista<sup>1</sup>, M Quiroga<sup>1</sup>, E Carloni<sup>1</sup>, A Ribotta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV), CIAP-INTA, Córdoba, Argentina. e-mail: andrea\_ribotta@yahoo.es

Santana INTA-Pemán (INTA) es un nuevo germoplasma diploide de grama *rhodes* con tolerancia incrementada a la salinidad. Esta obtención genética marca el primer antecedente en nuestro país para esta ploidía y hasta el momento no existen estudios de su divergencia genética en comparación a los cultivares más difundidos en el mercado. Debido a esto, el objetivo fue analizar a INTA, respecto de los cultivares comerciales: Finecut (FC), Topcut (TC), Pionner (PR) y Katambora (KAT) mediante 28 cebadores ISSR, 22 combinaciones de cebadores SRAP y 23 caracteres morfo-agronómicos. Para los tres tipos de marcadores se construyeron matrices de distancias, se obtuvieron dendrogramas por UPGMA, se correlacionaron a través del test de Mantel, y se determinó el consenso mediante Análisis de Procrustes Generalizado (APG). El polimorfismo obtenido con las técnicas ISSR y SRAP fue del 48,04% y 32,03%, respectivamente. El análisis de conglomerados con los tres tipos de marcadores evidenció el mismo agrupamiento. INTA fue el más divergente, junto a TC y FC, mientras que PR y KAT mostraron estar más emparentados genéticamente. Con respecto a las técnicas moleculares, la mayor correspondencia con el análisis morfo-agronómico fue SRAP, a pesar de su menor porcentaje de polimorfismo. Se obtuvo baja correlación pero no significativa entre los marcadores moleculares y los morfo-agronómicos, no obstante se evidenció un alto consenso con APG (98%). El nuevo cultivar diploide se diferenció genéticamente con los tres tipos de marcadores analizados.

## POLIPLOIDIZACIÓN *IN VITRO* Y AUMENTO EN LA PRODUCCIÓN DE ACEITES ESENCIALES EN *Lippia integrifolia*

Iannicelli J<sup>1,2</sup>, C Van Baren<sup>2</sup>, M Elechosa<sup>3</sup>, A Escandón<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Ewald A. Favret, INTA-CNIA. <sup>2</sup>Cátedra de Farmacognosia-IQUIMEFA (UBA-CONICET), Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad de Buenos Aires. <sup>3</sup>Instituto de Recursos Biológicos, INTA-CNIA.

e-mail: iannicelli.jesica@inta.gob.ar

La técnica de poliploidización ha sido muy utilizada para el desarrollo de nuevos cultivos mejorados en diversos aspectos, como, por ejemplo, la producción de metabolitos secundarios. Bajo el fundamento de que la formación de poliploides sintéticos puede estar acompañada por cambios en la organización del genoma y/o en la expresión génica que afecten la producción de aceites esenciales (AE), se obtuvieron tetraploides de *L. integrifolia* con mayor capacidad de producción de AE. Segmentos nodales de plantas creciendo en condiciones *in vitro* fueron sembrados en MS con 2,2  $\mu$ M de bencil aminopurina (BAP); tras la inducción del desarrollo de callos, se transfirieron al mismo medio conteniendo colchicina 0,01%, durante 15 días en oscuridad. Luego se subcultivaron al medio de multiplicación bajo régimen de 16 h luz. Como controles se dejaron desarrollar plantas en MS con y sin BAP. De 29 plantas regeneradas, se detectaron 16 tetraploides, 4 quimeras y 9 diploides, por citometría de flujo, y confirmados por conteo cromosómico. Todos los controles resultaron diploides. Los nuevos tetraploides mostraron diferencias significativas en el tamaño de hojas, flores, estomas y granos de polen, con respecto a los controles y a la planta madre. Por su parte, el rendimiento de AE (calculado en proporción al rendimiento de la planta madre) obtenido de los tetraploides fue significativamente mayor al de los diploides ( $p < 0,05$ ). Este resultado abre un interesante panorama para el estudio de los efectos que este fenómeno puede causar en la expresión genética de la planta en el corto o largo plazo.

## CARACTERIZACIÓN DEL COMPORTAMIENTO GERMINATIVO EN ESPECIES ORNAMENTALES DE VERNONIEAE (ASTERACEAE)

Riva AM<sup>1</sup>, EJ Greizerstein<sup>1</sup>, CG López<sup>1</sup>, R Huarte<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Católica Argentina.

e-mail: adriana\_riva@yahoo.com.ar

La tribu Vernonieae Cass. presenta numerosas especies con valor ornamental, algunas de las cuales integran programas de mejoramiento genético en los que se requiere el análisis de aquellos parámetros que definen el crecimiento y desarrollo. Con este propósito se caracterizó el comportamiento germinativo de cinco especies de la tribu ante distintas condiciones de luz, temperatura y potencial osmótico. Las especies consideradas son: *Chrysolaena cognata* (Less.) Dematt., *Chrysolaena flexuosa* (Sims.) H. Rob., *Lessingianthus mollissimus* (Hook y Arn.) H. Rob., *Vernonanthura montevidensis* (Spreng.) H. Rob. y *Vernonanthura nudiflora* (Less.) H. Rob. Se realizaron ensayos a temperaturas constantes y alternadas, en oscuridad y con alternancia de luz-oscuridad. Para determinar las temperaturas cardinales y el potencial agua base medio de germinación ( $\psi_{b50}$ ) de *C. flexuosa* y *V. nudiflora*, semillas de ambas especies fueron expuestas a un rango de temperaturas y de potenciales osmóticos en soluciones de PEG8000 y NaCl. Se observó que el conjunto de especies evaluadas germinó bajo una amplia gama de condiciones experimentales. No obstante, *C. cognata* y *V. montevidensis* requirieron luz para germinar. Las temperaturas cardinales base, óptima y crítica resultaron 6,48 °C, 20 °C y 45,4 °C en *C. flexuosa*, mientras que en *V. nudiflora* la base fue de 8 °C. El  $\psi_{b50}$  se estableció en -0,86 y -0,83 MPa, respectivamente. Estos resultados darían cuenta de un amplio rango de situaciones ambientales permisivas para la germinación, lo cual constituye un carácter deseable en programas de mejoramiento genético.

## CAMBIOS MORFOLÓGICOS ESTOCÁSTICOS EN ALOPOLIPLÓIDES DE PAPA

Duarte PF<sup>1</sup>, RW Masuelli<sup>1</sup>, R Borgo<sup>2</sup>, CF Marfil<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET. <sup>2</sup>Laboratorio de Fisiología Vegetal, Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET.  
e-mail: pduarte@mendoza-conicet.gob.ar

La papa cultivada, *Solanum tuberosum*, es una especie tetraploide que según análisis citogenéticos se comportaría como un autotetraploide de herencia tetrasómica. Sin embargo, diversos trabajos plantean la participación de al menos dos especies en su origen, indicando que sería más bien un aloploiploide segmental. El modelo de aloploiploidía no se ha abordado en papa y se desconoce cuáles serían sus efectos en el origen de la variabilidad y la productividad de esta especie. El objetivo de este trabajo fue evaluar si la duplicación cromosómica genera cambios morfofisiológicos en los aloploiploides de papa. El modelo experimental implicó la comparación de un híbrido interespecífico diploide control ( $2n=2x=24$ ) con dos tipos de líneas derivadas de tratamientos *in vitro* con colchicina: (i) líneas alotetraploides ( $2n=4x=48$ ), y (ii) líneas diploides tratadas con colchicina pero que no duplicaron su genoma ( $2n=2x=24$ ). Los parámetros morfofisiológicos medidos fueron peso seco de follaje y peso de tubérculos, conductancia estomática, contenido relativo de clorofila y área foliar. Los resultados indican que la duplicación cromosómica indujo una partición diferencial de recursos elaborados por la planta en órganos de reserva en las líneas alotetraploides, ya que presentaron menor peso seco de hojas y área foliar y mayor peso de tubérculos, aunque no se evidenciaron diferencias significativas entre éstas y el control. Los cambios observados son variables dentro de las líneas en estudio, por lo que no se puede atribuir características de superioridad a los alotetraploides estudiados.

## BASE GENÉTICA DE GENOTIPOS DE PAPA EN RELACIÓN AL COMPORTAMIENTO FRENTE A *Phytophthora infestans*

Deperi SI<sup>1,2</sup>, MC Bedogni<sup>1</sup>, C Chinestra<sup>1,2</sup>, S Capezio<sup>1</sup>, MA Huarte<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (EEA-INTA Balcarce y FCA, UNMDP).  
<sup>2</sup>CONICET, Argentina.  
e-mail: deperi.sofia@inta.gob.ar

Se propone determinar si el comportamiento de papa frente a *P. infestans* en follaje presenta asociación con la contribución genética de sus parentales maternos. Se utilizaron datos de una evaluación a campo en Balcarce, Bs. As., y Tañ del Valle, Tucumán, que clasificaba a 209 genotipos en cuatro categorías según el área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativa: R=0-25%, MR=25-50%, MS=50-75% y S=75-100%. Para los R y S se analizó la genealogía materna y se construyó una tabla de frecuencias con la contribución máxima probable de cada parental y su frecuencia de aparición. Se calculó la contribución máxima promedio (CMP) de cada parental a cada grupo y el coeficiente de similitud (CS) entre los genotipos. Ambos grupos fueron disímiles con más del 98% de los individuos con un CS entre 0 y 0,25. En Balcarce para los R, Serrana se encontró en el 14,63% de los genotipos y con un CMP de 34,4%, CIP380046.3 estuvo en el 9,76% y su CMP fue de 10,94% y Nevada estuvo en el 24,4% con un CMP de 4,7%. En Tañ del Valle, Serrana se encontró en el 16,7% de los genotipos y con un CMP de 31,25%. Nevada y CIP378508.277 estuvieron en el 12,5% cada uno, con un CMP de 3,125% y 6,75%, respectivamente. Para los S en Balcarce, los más frecuentes fueron Russet Burbank y Atlantic con un 22% cada uno y su CMP fue de 31,25% para ambos. En Tañ del Valle, los S tuvieron a Spunta y a Saskia con un 12% cada uno. Su CMP fue de 12,5 y 7,3% respectivamente. Se concluye que los genotipos en los que participan Serrana INTA y Nevada como parentales tendrían mayor probabilidad de ser clasificados como R.

## VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y RELACIONES POLEN-PISTILO EN UNA POBLACIÓN DE LA PAPA SILVESTRE *S. chacoense*

Poulsen Hornum A<sup>1,2</sup>, M Erice<sup>3</sup>, EL Camadro<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias (FCA). <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>3</sup>Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP). e-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

Las papas silvestres -endémicas de las Américas- forman series poliploides. La mayoría son diploides y alógamas obligadas por poseer auto-incompatibilidad gametofítica. Pueden reproducirse sexual y asexualmente y, en la naturaleza, están aisladas por barreras reproductivas externas e internas, que pueden ser incompletas permitiendo hibridación intra- e interpoblacional. A las introducciones de bancos de germoplasma se les asigna categoría específica en base a fenotipos morfológicos, sin considerar el comportamiento reproductivo natural de las poblaciones muestreadas. No obstante, la clasificación del germoplasma silvestre tiene consecuencias para la conservación *in situ* y *ex situ* de frecuencias alélicas. *S. chacoense* (2n=2x=24, 2NBE) es una de las especies silvestres de mayor distribución, desde el NOA hasta el SE bonaerense. Como parte de un estudio de estructura génica de una población espontánea de Balcarce, Bs. As., se muestrearon 51 plantas que se describieron en base a caracteres morfológicos vegetativos y reproductivos. Se utilizó análisis de componentes principales para las variables cuantitativas y análisis de agrupamiento para las cualitativas. Asimismo, se analizó viabilidad de polen y relaciones de compatibilidad polen-estilo en cruzamientos controlados, observándose alta esterilidad (>70%) y (a) compatibilidad en 12,2% de las combinaciones genotípicas y (b) incompatibilidad en 87,8% de las mismas, a nivel de (b<sub>1</sub>) estigma (80,5%) y (b<sub>2</sub>) cada tercio del estilo (7,3%). El análisis conjunto de los datos indica un posible origen híbrido de la población.

## INHERITANCE OF TISSUE-SPECIFIC ANTHOCYANIN PIGMENTATION IN CARROT ROOTS AND LEAVES

Bannoud F<sup>1</sup>, PW Simon<sup>2</sup>, PF Cavagnaro<sup>1,3,4</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas. <sup>2</sup>United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service (USDA-ARS) and Department of Horticulture, University of Wisconsin-Madison. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo. <sup>4</sup>EEA-INTA La Consulta. e-mail: pablocavagnaro@hotmail.com

Purple carrots can accumulate large amounts of anthocyanins in their roots. Carrot anthocyanin pigmentation across different root and leaf tissues is genetically conditioned. The present study tissue-specific anthocyanin pigmentation was evaluated as presence or absence of purple in the root and leaves of two carrot segregating populations, an F<sub>2</sub> (N=253) and an F<sub>3</sub> (N=103), both derived from a purple x orange carrot cross. In both populations, purple pigmentation in the root epidermis and phloem segregated as a simply inherited trait with dominance of purple over non-purple ( $\chi^2=0.88-2.73$ ,  $p=0.10-0.35$ ), whereas segregation for xylem pigmentation was consistent with a two gene model ( $\chi^2=0.06-2.02$ ,  $p=0.16-0.80$ ). Purple pigmentation in the leaf petioles of both families segregated consistently with a two gene model ( $\chi^2=0.13-0.62$ ,  $p=0.29-0.43$ ), as well as pigmentation of the leaf lamina in the F<sub>2</sub> ( $\chi^2=0.004$ ,  $p=0.95$ ) (this trait could not be scored unambiguously in the F<sub>3</sub>). Strong positive correlations were found for anthocyanin pigmentation between root epidermis and phloem ( $r=1$ ,  $p<0.001$ ) and between root xylem and leaf petioles ( $r=0.58-0.88$ ,  $p<0.001$ ), suggesting that the same genes may condition anthocyanin pigmentation in different plant tissues. Progeny testing in derivative families of these populations are needed to confirm the genetic models proposed from our preliminary data. Understanding the genetic control of anthocyanin accumulation in specific tissues of carrot will likely benefit breeding programs aiming at increasing carrot anthocyanin content and nutraceutical value.

## UNA APROXIMACIÓN MULTIVARIADA A LA DETECCIÓN DE QTLs EN UN HÍBRIDO DE SEGUNDO CICLO DE TOMATE

Cabodevila VG<sup>1,2</sup>, E Madelón<sup>1</sup>, LA Picardi<sup>1,3</sup>, GR Pratta<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. <sup>2</sup>CONICET. <sup>3</sup>CIUNR. e-mail: victoria.cabodevila@unr.edu.ar

Evaluar la asociación entre variables morfológicas y moleculares constituye un paso previo a la detección de QTLs (*loci* de caracteres cuantitativos). El objetivo de este trabajo fue determinar la asociación entre la información molecular obtenida mediante seis combinaciones de cebadores AFLP y diez variables cuantitativas medidas en fruto, entre ellas diámetro (D), altura (A), peso (P), vida poscosecha (VP), pH, acidez titulable (AT) y color (L). Se utilizaron 86 individuos F<sub>2</sub> provenientes del híbrido de segundo ciclo (HSC) ToUNR1xToUNR5 de tomate. Se aplicaron análisis de componentes principales (ACP) a las variables cuantitativas, de coordenadas principales (ACoP) a la información molecular y de procrustes generalizado (APG) al conjunto de datos. Las primeras cuatro componentes principales (CP) explicaron el 74% de la variabilidad total. CP1 estuvo asociada de manera positiva a los caracteres morfológicos P, D y A. CP2 estuvo asociada a caracteres de calidad interna (pH negativamente y AT positivamente) y externa (VP y L positivamente). El ACoP verificó que hubo amplia segregación y recombinación ya que fueron necesarias las primeras 13 coordenadas para explicar el 74% de la variabilidad total, demostrando la utilidad de los cebadores utilizados para relevar el genoma del HSC. En el APG, el consenso total fue del 69%, variando entre 45% a 89% para los diferentes genotipos. Se concluye que existe asociación entre los marcadores AFLP utilizados y las variables cuantitativas, indicando que sería relevante la detección de QTLs especialmente para D, A, P, pH, AT, VP y L.

## A CHARACTERIZATION OF THE PROMOTER BAK1 IN *Nicotiana tabacum* L. (SOLANACEAE) DEVELOPMENT

Pereira-Dias F<sup>1,2</sup>, E Tumimbang<sup>2</sup>, E Blumwald<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Federal University of Santa Catarina (UFSC/Brazil), Scholarship Brazil SWB/CNPq. <sup>2</sup>Plant Reproductive Biology Department, Blumwald's Lab. University of California, Davis, California. e-mail: francispdias@gmail.com

Brassinosteroids (BR) are plant hormones involved in different roles, such as reproductive development and stress response. BAK1, is a LRR Receptor-like protein kinase, that interacts with BRI1 and modulates BR signaling. The induction of BAK1 promoter is associated to light, salicylic acid, cold and wounding responsiveness. Although pBAK1 has been related to various responses, the knowledge of its expression during development is scanty. The present work characterized the expression of pBAK1: GUS during development of *Nicotiana tabacum*. A control line (SR1) and four T2 transgenic independent lines (pBAK1 15-7: GUS, pBAK1 15-3: GUS, pBAK1 3-4: GUS and pSARK: GUS) expressing single insertions from the T2 generation were analyzed from the seedling stage to mature pods formation. GUS expression was measured using  $\beta$ -glucuronidase (GUS) fluorescent reporter gene activity, and the tissue location identified using histochemical GUS assays. pBAK1: GUS expression was highest at more advanced stages. In eight-leaves plants, pBAK1 expression was highest in the top leaf and the 5th leaf. The line pBAK1 3-4: GUS displayed high expression in the roots. Later flower stages (closed buds, flowers stigma, pods) also showed pBAK1: GUS expression. pBAK1: GUS was expressed during the development of tobacco. The expression of the promoter in the roots during the eight-leaf stage suggests, and literature showing the BR-dependent lateral root growth would suggest the involvement of BAK1 in the response of roots to stress.

## LOCALIZACIÓN DE QTLs EN LA BASE DEL CROMOSOMA 2 QUE CONTROLAN MORFOLOGÍA DE FRUTO EN TOMATE

Green GY<sup>1,2</sup>, C Delpiccolo<sup>1</sup>, JH Pereira da Costa<sup>1,3</sup>, R Zorzoli<sup>1,4</sup>, GR Rodríguez<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. <sup>2</sup>Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (ANPCyT). <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>4</sup>Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Rosario (CIUNR). e-mail: gisela.green@unr.edu.ar

En el cultivar Río Grande de *Solanum lycopersicum* la forma de fruto alargada es controlada por los QTLs (loci de caracteres cuantitativos) mayores *fs2.1* y *fs8.1*. El QTL *fs2.1* se ubica en un segmento de 9,70 Mb en la región distal del cromosoma 2. El objetivo de este trabajo fue minimizar la región que contiene al QTL mayor *fs2.1* y QTLs menores asociados a caracteres de morfología de fruto utilizando una población de retrocruzas entre Río Grande y la entrada LA1589 de *S. pimpinellifolium*. De esta población se seleccionaron 8 plantas por presentar recombinación en el segmento que contiene a *fs2.1* y no segregar la región genómica del cromosoma 8 que contiene al QTL *fs8.1*. Para la selección se utilizaron 11 marcadores moleculares de tipo InDel y CAPS. Cada planta dio lugar a una familia sobre las cuales se realizó la prueba de progenie (Total de plantas: 73, Total de frutos: 440). Ocho caracteres de morfología de fruto fueron medidos utilizando el software *Tomato Analyzer 3.0*. Los genotipos homocigotos dentro de cada familia se compararon a través de la prueba de *t*. Se localizó un QTL para índice de forma de fruto (relación entre altura y diámetro) en un intervalo de 3 Mb en la base del segmento analizado. También se localizaron QTLs para la forma cuadrangular distal y el área de la protuberancia distal en una región de 1,19 Mb en la parte superior del segmento en estudio. Se concluye que existen al menos dos loci en la base del cromosoma 2 de tomate que afectan a la morfología del fruto en esta población.

## REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTOS EN UNA RETROCRUZA DE TOMATE

Luciani MD<sup>1,2</sup>, JH Pereira da Costa<sup>1,2</sup>, GR Rodríguez<sup>1,2</sup>, LA Picardi<sup>1,3</sup>, R Zorzoli<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. <sup>2</sup>CONICET. 3CIUNR. e-mail: marianela.luciani@unr.edu.ar

Las especies silvestres de tomate son recursos genéticos de gran valor para el mejoramiento de la calidad de los frutos. El análisis de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) en generaciones de retrocruzas avanzadas permite integrar el proceso de detección de QTLs con el desarrollo de nuevas variedades. El objetivo de este trabajo fue detectar QTLs para caracteres de calidad de frutos en la tercera retrocrusa (BC<sub>3</sub>) del cruzamiento entre el cultivar Caimanta de *Solanum lycopersicum* (padre recurrente) y la entrada LA722 de *S. pimpinellifolium*. Se estudiaron 178 plantas correspondientes a 40 familias de la generación BC<sub>3</sub> con un total de 1722 frutos. Se analizaron 26 marcadores moleculares de ADN del tipo SSR (*Simple Sequence Repeat*) distribuidos equitativamente en el genoma de tomate y se evaluaron los caracteres de calidad: peso, diámetro, altura, forma, vida poscosecha, sólidos solubles, firmeza y color. La asociación entre caracteres cuantitativos y marcadores SSR se determinó a través del método de un sólo punto (*single point analysis*). Se detectaron 28 QTLs asociados a caracteres de calidad ( $p < 0,01$ ), de los cuales 13 (46,4%) fueron altamente significativos ( $p < 0,001$ ). Nueve de estos 13 QTLs fueron detectados en las generaciones anteriores de este cruzamiento. Se concluye que fue posible la identificación de regiones genómicas asociadas a caracteres de calidad de frutos en esta retrocrusa avanzada de tomate y esto demostraría la existencia de variabilidad genética en estos materiales que puede ser utilizada para el desarrollo de nuevas variedades.

## OBTENCIÓN DE PLANTAS TRANSGÉNICAS DE LECHUGA CON RESISTENCIA A PATÓGENOS FÚNGICOS

Darqui FS<sup>1</sup>, LM Radonic<sup>1</sup>, NE López<sup>1</sup>, HE Hopp<sup>1</sup>, MG López Bilbao<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, INTA Castelar, N. Repetto y De Los Reseros  
 s/n, Castelar, Buenos Aires, Argentina.  
 e-mail: darqui.flavia@inta.gob.ar

Las enfermedades foliares causadas por hongos y bacterias adquieren gran importancia en lechuga (*Lactuca sativa*) al ser las hojas los órganos comestibles. Con la finalidad de tener plantas resistentes a estos patógenos, se fijó como objetivo obtener plantas transgénicas portadoras del péptido antimicrobiano Snakin-1 o de las proteínas del tipo *Pathogenesis Related* quitinasa y glucanasa. Con las plantas obtenidas se realizó un ensayo de inhibición del crecimiento del hongo *Rhizoctonia solani* en placas con medio conteniendo extracto de las líneas transgénicas. Se observó una inhibición del crecimiento estadísticamente significativa en 6 líneas independientes portadoras del gen de la quitinasa con respecto al extracto de planta control. Mientras que, en las líneas portadoras del gen *snakin-1* y de la glucanasa no se detectaron diferencias significativas. Por otra parte, con las líneas portadoras de los genes de quitinasa y Snakin-1, se realizaron ensayos *in vitro* con plantas enteras en un medio inoculado con *R. solani*. En ambos casos se observa que las plantas transgénicas presentan una coloración más intensa y menor marchitez en las hojas que las plantas control. En el caso de las líneas portadoras de Snakin-1, las líneas que presentaron este comportamiento coinciden con las que mostraron una mayor transcripción del gen en ensayos de RT-PCR semicuantitativa.

## APLICACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES SRAP EN EL DESARROLLO DE UN MAPA DE LIGAMIENTO EN ARVEJA

Guindón MF<sup>1</sup>, E Martín<sup>1</sup>, A Zayas<sup>2</sup>, E Cointy<sup>2</sup>, V Cravero<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>CONICET.  
<sup>2</sup>Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Fac. de  
 Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.  
 e-mail: ferguindon@gmail.com

El crecimiento global de la población requiere de un incremento en la producción agrícola de alimentos. En los últimos años, ha crecido el interés en el cultivo de arveja (*Pisum sativum* L.) (2n=14), debido a la creciente demanda de materiales ricos en proteínas para nutrición humana y animal. La incorporación de nuevas tecnologías, como la construcción de mapas de ligamiento, es fundamental para establecer asociaciones entre marcadores moleculares y genes que controlan caracteres de interés. Con el objetivo de validar el uso de marcadores SRAP (*Sequence related amplified polymorphism*) en el desarrollo de mapas genéticos de la especie se generó una población de mapeo F<sub>2</sub> a partir del cruzamiento inicial de una variedad comercial (DDR11) y una línea experimental (Zav25). Se evaluaron un total de 25 combinaciones SRAP en 45 individuos F<sub>2</sub> y en ambas líneas parentales, obteniéndose 377 bandas/marcadores polimórficos. Estos marcadores fueron analizados utilizando la prueba de  $\chi^2$  para determinar si presentaban segregación mendeliana (3:1). El mapa, generado con el programa *JoinMap* v4, consistió en 183 marcadores distribuidos en 7 grupos de ligamiento (GLs), con una longitud total de 634,3 cM. La longitud de los GLs varió entre 54,7 y 135,4 cM (44,29 cM promedio), incluyendo entre 10 y 75 marcadores. El mapa de ligamiento desarrollado sugiere que la técnica SRAP es una herramienta eficiente para estudios de mapeo en arveja. La incorporación de otro tipo de marcadores permitirá aumentar su eficiencia en la localización de marcadores asociados a caracteres de importancia agronómica.

## VARIABILIDAD GENÉTICA EN LÍNEAS DE POROTO EVALUADAS FRENTE A ESTRÉS HÍDRICO EMPLEANDO MARCADORES SSR

Salim E<sup>1</sup>, A Fekete<sup>2</sup>, D Cuellar<sup>2</sup>, M Aparicio<sup>2,3</sup>, M Galván<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Cs. Exactas, Químicas y Naturales, UNAM. <sup>2</sup>INTA-EEA Salta. <sup>3</sup>CONICET. e-mail: genamiel@hotmail.com

El poroto, *Phaseolus vulgaris* L., es una leguminosa de gran importancia en el noroeste argentino (NOA), siendo Salta la principal provincia productora y exportadora del país. Actualmente el cultivo de soja ha desplazado al poroto hacia zonas más áridas generando grandes pérdidas en la producción. En el presente trabajo se analizó mediante el empleo de marcadores microsátélites (SSR) la variabilidad genética existente en 14 variedades y líneas de poroto común evaluadas previamente por su tolerancia a estrés hídrico. La extracción de ADN se realizó a partir de plántulas y se utilizó un total de 15 marcadores SSR distribuidos en la mayoría de los grupos de ligamiento del mapa de *P. vulgaris*. Los fragmentos amplificados mediante PCR se separaron por electroforesis en geles de poliacrilamida 10% teñidos con GelRed<sup>TM</sup>. A partir de los patrones moleculares se generó un fenograma en el que se observó el agrupamiento de las líneas según su acervo génico de origen. El nivel de polimorfismo detectado fue elevado permitiendo obtener patrones de bandas únicos para todos los genotipos analizados. Los genotipos que resultaron contrastantes en la respuesta fenotípica evaluada anteriormente también mostraron mayor distancia genética en base al análisis con los SSR. Estos marcadores son una herramienta de utilidad para la caracterización de la variabilidad genética de los genotipos evaluados, por lo tanto, para ser empleados en el mejoramiento asistido. Este es el primer trabajo de aplicación de SSR para el análisis de líneas y variedades comerciales de poroto que se cultivan en el NOA.

## DIVERSIDAD GENÉTICA Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE ACCESIONES DEL GÉNERO *Pisum* REVELADA POR SRAP Y SSR

Almirón P<sup>1</sup>, VP Cravero<sup>1,2</sup>, EL Cointry<sup>2</sup>. <sup>1</sup>CONICET, Zavalla. <sup>2</sup>Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. e-mail: palmiron@unr.edu.ar

Comprender la diversidad genética presente dentro de una especie o un género, puede generar información valiosa para los programas de mejoramiento, y es importante para la protección de variedades vegetales. Los objetivos fueron: estudiar la diversidad genética de 121 accesiones del género *Pisum* mediante el uso de marcadores SRAP (*Sequence Related Amplified Polymorphism*) y SSR (*Simple Sequence Repeats*); y analizar la clasificación del género *Pisum*, la cual se encuentra en continua discusión. Las accesiones fueron analizadas con el uso de 15 SSRs y 10 combinaciones SRAP. Para cada tipo de marcador molecular se calculó: número de alelos por locus (SSR) o número de bandas por combinación (SRAP); Contenido de Información Polimórfico y Diversidad Genética. Estas medidas de variabilidad genética fueron altas y el nivel de polimorfismo fue elevado. La correlación entre SRAP y SSR fue analizada mediante un test de Mantel a nivel de: distancias genéticas individuales y distancias  $\Phi_{PT}$  entre ocho grupos taxonómicos. La correlación considerando las distancias grupales  $\Phi_{PT}$  fue altamente significativa ( $r=0,78$ ,  $p<0,0001$ ). Los Análisis Moleculares de la Varianza de SRAP y SSR sugirieron que las distintas especies y subespecies de *Pisum* se diferencian unas de otras ( $p<0,0001$ ). En el árbol obtenido usando el método *Neighbor-Joining*, las tres especies *P. sativum*, *P. fulvum* y *P. abyssinicum* formaron grupos separados. Los análisis utilizando el método UPGMA mostraron que las subespecies de *P. sativum* fueron separadas más claramente en el dendrograma derivado a partir de los marcadores SRAP.

## TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE LENTEJA (*Lens culinaris* MEDIK) MEDIADA POR *Agrobacterium tumefaciens*

Bermejo CJ<sup>1</sup>, GR Rodríguez<sup>1,2</sup>, EL Cointry<sup>2</sup>. <sup>1</sup>CONICET. <sup>2</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla. <sup>3</sup>Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla.  
e-mail: cbermejo@unr.edu.ar

Los estudios de transformación genética en lenteja son escasos y con bajas eficiencias de transformación (0,14–2,3%). Como objetivo se planteó desarrollar un protocolo de transformación genética altamente eficiente. El sistema desarrollado se basó en la transformación mediada por *Agrobacterium* con la cepa GV2260 conteniendo el plásmido pBI121 para introducir los transgenes *nptII* y *gus* en nudos cotiledonares de lenteja y en la selección de tallos transgénicos con el agente selectivo kanamicina. Para definir la dosis de kanamicina óptima se ensayaron distintas concentraciones (25 a 150 mgL<sup>-1</sup>) en medios de regeneración *in vitro*, siendo la escogida la de 50 mgL<sup>-1</sup> ya que produjo un nivel de escapes aceptable (20%) y no afectó la regeneración de tallos y raíces. Se co-cultivaron 100 nudos cotiledonares con *Agrobacterium* de los cuales 14 fueron capaces de regenerar tallos vigorosos en el medio selectivo, indicando su resistencia a kanamicina y su potencial naturaleza transgénica. La expresión estable del gen *gus* se detectó mediante ensayo histoquímico en las hojas de estos tallos de los cuales 7 dieron positivo. La integración del gen *nptII* en el genoma de la planta fue confirmada por amplificación mediante PCR. La detección de un fragmento de 700 pb en los 14 explantos potencialmente transformados indicó la presencia de *nptII* en el ADN genómico de los tallos regenerados y la ausencia de escapes, dando una eficiencia de transformación del 14%. Este método podría ser aplicado en un futuro para la introducción de genes candidatos útiles en lenteja.



**GPE**

COMUNICACIONES LIBRES

# GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN



## ESTUDIO TEMPORAL DE VARIABILIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Caiman latirostris*

Amavet PS<sup>1,2,3</sup>, EC Rueda<sup>1,3</sup>, A Larriera<sup>1,2</sup>, BO Saidman<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>Depto. de Cs. Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, UNL, Ciudad Universitaria, 3000, Santa Fe, Argentina. <sup>2</sup>Proyecto Yacaré-Laboratorio de Zoología Aplicada: Anexo Vertebrados (FHUC-UNL/MASPyMA), A. del Valle 8700, 3000, Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup>CONICET, Argentina. <sup>4</sup>Depto. Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA, CONICET, Fac. de Cs. Exactas y Naturales, UBA, Ciudad Universitaria, 1428, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: pamavet@fhuc.unl.edu.ar

Se trabajó con muestras de *Caiman latirostris* obtenidas en tres períodos temporales diferentes (2001–2003, 2007 y 2011) en cuatro regiones de la provincia de Santa Fe (Estero de Caminos, Costa del Salado, Estero del Lote 114, y Arroyo Espín). Se realizó la amplificación de todas las muestras utilizando *primers* para cinco loci microsatélites diseñados para *C. latirostris* y un loci (*Amiμ* 20) específico para *Alligator mississippiensis* (especie perteneciente a la misma familia que *C. latirostris*). A partir de los genotipos obtenidos se obtuvieron los estadísticos descriptivos e índices de variabilidad y estructura poblacional empleando el software Arlequín 3.1. Los resultados demuestran una tendencia al aumento de los valores globales de variabilidad desde 2001 a 2011, marcándose como la población más variable a Arroyo El Espín, corroborando datos obtenidos anteriormente aplicando otros marcadores y morfometría. Además se pudo comprobar que no hay estructura entre las poblaciones en cada etapa temporal (2001:  $F_{ST}$  global=0,084; 2007:  $F_{ST}$  global=0,1533; 2011:  $F_{ST}$  global=0,198) y por el contrario se nota una tendencia a la diferenciación tomando cada punto de muestreo a través del tiempo. Estos resultados demuestran que el aumento en el número poblacional de *C. latirostris*, gracias a las actividades de manejo y uso sustentable desarrolladas por el Proyecto Yacaré (MUPCN/MASPyMA) ha sido acompañado por un incremento en la variabilidad genética de las mismas, lo cual supone una adecuada recuperación de las poblaciones santafesinas de la especie.

## ESTUDIOS DE VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y HEREDABILIDAD EN *Caiman latirostris* (YACARÉ OVERO)

Imhoff C<sup>1,2</sup>, P Amavet<sup>1,2,3</sup>, F Giri<sup>1,2,4</sup>. <sup>1</sup>Depto. de Ciencias Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, UNL, Ciudad Universitaria, 3000, Santa Fe, Argentina. <sup>2</sup>CONICET. <sup>3</sup>Proyecto Yacaré-Laboratorio de Zoología Aplicada: Anexo Vertebrados (FHUC-UNL/MASPyMA), A. del Valle 8700, 3000, Santa Fe, Argentina. <sup>4</sup>Instituto Nacional de Limnología (CONICET-UNL), Ciudad Universitaria, 3000, Santa Fe, Argentina.

e-mail: carolinagimhoff@gmail.com

El estudio de la forma de los cocodrilianos es relevante en los campos del comportamiento, ecología, sistemática, evolución y conservación. A su vez, la integración de los procedimientos geométricos dentro del marco de la genética cuantitativa, permite realizar la evaluación de los componentes de forma heredables. En el presente estudio se analizó mediante técnicas de morfometría geométrica, la forma de la región cefálica de 210 ejemplares de *Caiman latirostris* provenientes de siete poblaciones y se llevó a cabo el cálculo de la heredabilidad de dicha forma. El Análisis de Componentes Principales permitió observar la existencia de dos morfotipos dentro de las poblaciones, además, en el Análisis de Variantes Canónicas, las distancias de Mahalanobis entre grupos, indicaron que existen diferencias significativas de forma entre las poblaciones. Por otro lado, con el método de Mínimos Cuadrados Parciales se comprobó la covariación entre la forma del cráneo y las variables ambientales. En lo que respecta al cálculo de la heredabilidad, se obtuvieron valores altos para la misma en cada una de las poblaciones, pero no se encontraron diferencias estadísticamente significativas en las tasas entre poblaciones. Los resultados llevan a concluir que existen diferencias significativas entre las poblaciones de yacaré overo en lo que refiere a la forma de la región cefálica, que la misma se ve influenciada por las variables ambientales a las que estuvieron expuestos los nidos y que la heredabilidad de la variación de la forma es muy alta pero similar para todas las poblaciones.

## ANÁLISIS TEMPORAL DE VARIABILIDAD GENÉTICA DE SÁBALO (*Prochilodus lineatus*) EN EL EMBALSE YACYRETÁ

Vilte GA<sup>2,3</sup>, GG Garrido<sup>3</sup>, EC Rueda<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), Laboratorio de Genética. <sup>2</sup>Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias (FHUC), Universidad Nacional del Litoral (UNL). <sup>3</sup>Proyecto Biología Pesquera Regional (PBPR), Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones (UNaM).

e-mail: vilte.gustavo@gmail.com

El sábalo (*Prochilodus lineatus*) es un pez iliófago, con hábito migratorio que constituye un eslabón crucial en los ecosistemas que integra. Se encuentra en la base de las cadenas alimenticias y participa activamente en la circulación de los nutrientes. Los efectos generados por las represas sobre la trayectoria de los ríos y los recursos ictícos, se convierten en una preocupación para la región, que exige invertir esfuerzos en la generación de conocimientos que permitan diagnosticar la situación actual y su monitoreo. Los análisis genéticos, permiten evaluar el estado de conservación del reservorio genético del recurso. El objetivo del presente trabajo es evaluar la variabilidad genética del sábalo en el embalse Yacyretá en cuatro períodos temporales (1993–2010) usando microsatélites. Se extrajo ADN a partir de escamas de 56 ejemplares y se amplificaron 5 loci microsatélites mediante PCR. Se determinaron los haplotipos de cada ejemplar y se calcularon los parámetros de diversidad genética básica usando el programa ARLEQUIN. El número de alelos por locus fue de 5 a 9,2 (desvío estándar  $2,8 \pm 4,4$ ). Los valores de  $H_E$  fueron de 0,59 a 0,82 (desvío estándar  $\pm 0,37$  a 0,13), los de  $H_O$  fueron de 0,58 a 0,69 (desvío estándar  $\pm 0,37$  a 0,13). En cuanto a la estructura genética, no se encontraron diferencias significativas entre los lotes analizados ( $F_{ST} \leq 0,01$ ). Estos resultados preliminares sugieren que las poblaciones tienen un nivel de variabilidad genética adecuado que se mantuvo en el tiempo.

## VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Pseudoplatystoma corruscans* Y *P. reticulatum* EN LA CUENCA PARANÁ-PARAGUAY

Ponzetto JM<sup>1</sup>, Alves AL<sup>2</sup>, Leonardez E<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad Federal de São Carlos (UFSCar), São Carlos, SP. <sup>2</sup>Embrapa Pesca y Acuicultura, Palmas-TO.

e-mail: josiponzetto@gmail.com

Las especies de peces *Pseudoplatystoma corruscans* y *Pseudoplatystoma reticulatum* pertenecen al Orden de los Siluriformes, una de las riquezas de la región Neotropical. Es endémica del continente sudamericano, con amplia presencia en las principales cuencas fluviales de países como Brasil, Argentina, Paraguay y Uruguay. Considerando la importancia del género, esta propuesta tiene como objetivo caracterizar la variabilidad genética y establecer las relaciones filogenéticas de estas especies. Para esto, 81 especímenes de *P. reticulatum* y 64 de *P. corruscans* (en los ríos de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul y São Paulo, Brasil) se analizaron para ATPase 8/6. Para el gene RAG-1 se analizaron 37 muestras de *P. reticulatum* y 38 de *P. corruscans*. Las topologías obtenidas confirmaron la presencia de dos especies distintas; sin embargo, un espécimen descrito inicialmente como *P. reticulatum* se presentó más estrechamente relacionado con *P. corruscans* para ambos genes analizados, lo que sugiere la ocurrencia de híbridos interespecíficos. Tanto los datos de divergencia genética entre las especies, como los obtenidos por análisis de la varianza molecular confirmaron lo obtenido por las filogenias. Los valores de  $F_{ST}$  fueron altos entre las especies, y bajos dentro de ellas, cuando se consideran todas las localidades, lo que sugiere flujo génico entre poblaciones. Definir la distribución de la variabilidad genética de las poblaciones es de importancia fundamental tanto para inferir sobre la conservación de las especies, como para llevar a cabo acciones de manejo adecuadas. Apoyo: FAPESP 2012/03553-8

## FILOGEOGRAFÍA DEL PEJERREY PATAGÓNICO (*Odontesthes hatcheri*): EVIDENCIAS GENÉTICAS DE INTROGRESIÓN

Rueda EC<sup>1,2</sup>, J Sommer<sup>3</sup>, C Conte-Grand<sup>1,4</sup>, V Cussac<sup>1,4</sup>, G Orti<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). <sup>2</sup>Laboratorio de Genética (FHUC-UNL). <sup>3</sup>University Nebraska-Lincoln. <sup>4</sup>Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA-CONICET-UNCOMA). <sup>5</sup>The George Washington University e-mail: evarueda@fbc.unl.edu.ar

El pejerrey patagónico es un pez de agua dulce, que habita en los ríos, embalses y lagos del sur de Argentina y Chile. Se ha demostrado que algunas poblaciones han sufrido el impacto negativo de la introducción de otra especie cercana, el pejerrey bonaerense (*O. bonariensis*), habiéndose encontrado especímenes híbridos. Se llevaron a cabo estudios filogeográficos analizando un total de 443 individuos colectados en 15 sitios de muestreo que cubren el área original de distribución de *O. hatcheri* (pcia. de Santa Cruz, Chubut, Río Negro, La Pampa, Mendoza y San Juan), incluyendo localidades donde la especie *O. bonariensis* ha sido introducida y una población nativa de *O. bonariensis* (Laguna San Lorenzo, pcia. de Bs. As.). Se utilizaron marcadores moleculares para analizar la estructura genética de estas poblaciones. Se amplificaron 13 loci microsatélites de cada individuo y se analizó la estructura genética del grupo utilizando el software *STRUCTURE*. El número de clusters (K) más probable obtenido fue K=12. Las poblaciones El Carrizal, Ullum y San Lorenzo, formaron un grupo genéticamente diferenciado, demostrando una preponderancia de *O. bonariensis* en el área de distribución nativa de *O. hatcheri*. Otros sitios muestran presencia de híbridos. Los resultados señalan que aunque el área de distribución de *O. hatcheri* esta estructurada genéticamente, existen sitios donde hay mayor flujo génico. Todo esto significa una especial llamada de atención frente a las translocaciones de *O. bonariensis* desde la Pampa hacia Cuyo y Patagonia, a través de siembras o transporte de carnada viva.

## ESTUDIOS MORFOMÉTRICOS Y MOLECULARES EN POBLACIONES DE *Aegla singularis* DEL SISTEMA DEL PLATA

Loretán G<sup>1,2</sup>, E Rueda<sup>1,3</sup>, F Giri<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe (3000), Argentina. <sup>2</sup>Instituto Nacional de Limnología (INALI-UNL-CONICET), Santa FE (3000), Argentina. <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). e-mail: gisela.loretan@yahoo.com.ar

Los Aéglicos son un grupo de decápodos de agua dulce que se han diversificado en América del Sur. Aspectos de su evolución son poco conocidos; una manera de buscar evidencias es mediante estudios de la forma y de la diversidad genética. En este trabajo se analizaron poblaciones de *Aegla singularis* pertenecientes a dos subcuencas del Sistema del Plata (Paraná y Uruguay), de la Provincia de Misiones mediante el uso de técnicas de morfometría geométrica y amplificación de ADN mitocondrial. Se estudió la relación entre los patrones de distribución y la forma de los cangrejos mediante el análisis de las deformaciones relativas con los programas estadísticos del paquete TPS y MorphoJ. Para el análisis de la diversidad y estructura genética de las poblaciones se utilizó el marcador mitocondrial COII. Los resultados de los análisis de morfometría revelaron diferencias estadísticamente significativas de forma entre las poblaciones de las subcuencas del Paraná y la del Uruguay. Sin embargo, los análisis moleculares muestran que no hay estructura genética entre las poblaciones y que la diversidad genética es baja (número de sitios polimórficos= 123, número de haplotipos= 6). La D- tajima y los valores de Fu tampoco fueron estadísticamente significativos. Por estas diferencias se considera que la división entre las poblaciones es reciente por lo que no se expresan a nivel molecular. Considerando que las evidencias de morfometría geométrica y moleculares no coinciden con los resultados encontrados se debería complementar los estudios genéticos con marcadores nucleares.

## VARIACIÓN INTERPOBLACIONAL DEL CAMARÓN *Macrobrachium borellii*: ANÁLISIS MORFOMÉTRICO Y MOLECULAR

Torres MV<sup>1</sup>, G Loretan<sup>2</sup>, EV Rueda<sup>2</sup>, F Giri<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Limnología (INALI-CONICET). <sup>2</sup>Facultad de Humanidades y Ciencias (FHUC-UNL).

e-mail: mavictoriatorres@gmail.com

En decápodos de agua dulce estudios de morfometría y genética en poblaciones indican niveles estructurales de acuerdo con la distancia o la separación de las poblaciones en el tiempo y/o en el espacio. Se colectaron 50 camarones de dos sitios (Río Salado y Río Uruguay). Se colocaron 16 *landmarks* en el cefalotórax de los camarones. La variación de la forma fue explorada mediante PCA. La forma de los camarones entre las dos poblaciones fue evaluada con análisis Discriminante. Los estudios moleculares se realizaron amplificando ADN genómico con marcadores ISSR en las dos poblaciones. Los productos de PCR se corrieron en gel de acrilamida para determinar las bandas. El PCA1 (51,15%) presentó la mayor variabilidad morfológica. Las poblaciones fueron ordenadas en relación al PCA2 (14,74%). Las formas de los camarones entre las poblaciones fueron diferentes estadísticamente. Se determinó la presencia de dos *cluster* (k=2) y un valor de FST de 0,15, por lo que las poblaciones están estructuradas. Se encontraron diferencias de variabilidad genética entre las poblaciones. La del Río Salado presentó menor heterocigocidad y menor número de loci polimórficos que la del Río Uruguay. Ambos análisis mostraron diferencias entre las poblaciones de estudio. Las distancias hidrológicas entre los sitios podrían explicar las diferencias interpopulacionales observadas en *M. borellii*. La mayor variabilidad morfológica y genética de los camarones del Río Salado podría estar relacionada a la convergencia de varios cursos de agua en este sitio y a la ubicación aguas abajo con respecto a otros sitios.

## ANÁLISIS COMPARATIVO DE GENOMAS MITOCONDRIALES DEL GÉNERO *Meloidogyne*

García LE, MV Sanchez-Puerta. <sup>1</sup>Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), CONICET-UNCuyo. <sup>2</sup>Instituto de Biología Agrícola de Mendoza, IBAM-CONICET, FCA. y FCEN., U.N. Cuyo.

e-mail: lauraevgarcia@gmail.com

El genoma mitocondrial (mtDNA) de animales es una molécula circular y compacta. Sus genes evolucionan a tasas mayores que los genes nucleares, por lo que es particularmente útil para desarrollar marcadores moleculares que asistan en la identificación de especies. Los nematodos del nudo (Género *Meloidogyne*) están entre los patógenos de plantas más dañinos a nivel mundial y debido a que poseen una morfología altamente similar, su determinación taxonómica representa un desafío. En el presente trabajo, se caracterizó el genoma mitocondrial de *Meloidogyne hapla*, que fue obtenido a partir del proyecto genómico completo en la base de datos pública Genbank. Se analizaron los genes que codifican proteínas, rRNAs y tRNAs, el uso de codones, las tasas de sustitución y las relaciones evolutivas a partir de 12 genes. El análisis comparativo entre los genomas mitocondriales de *M. incognita*, *M. graminicola*, *M. chitwoodi* y *M. hapla* mostró que el ordenamiento génico es diferente con translocaciones en los genes que codifican tRNAs. Se observó además una región no codificante con repeticiones en tándem, únicas para cada especie. La comparación global de las secuencias genómicas reveló una identidad superior al 70% en la mayoría de las regiones codificantes, sin embargo, la región entre los genes *nad5* y *cox1* presentó un gran número de polimorfismos, indicando que distintas regiones evolucionan a tasas diferentes. Este estudio es relevante para el desarrollo de la taxonomía molecular del género *Meloidogyne*.

## ROL DE LA ASEXUALIDAD EN LA COLONIZACIÓN DE AMBIENTES MARGINALES EN UN GORGOJO PLAGA COSMOPOLITA

Rodriguero MS<sup>1</sup>, AA Lanteri<sup>2</sup>, NV Guzman<sup>1</sup>, JVC Guedes<sup>3</sup>, VA Confalonieri<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IEGEB CONICET-UBA. <sup>2</sup>División Entomología, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. <sup>3</sup>Departamento de Defensa Fitosanitaria, Centro de Ciências Rurais, Universidade Federal de Santa Maria.  
e-mail: rodriguero@ege.fcen.uba.ar

Para el gorgojo plaga de distribución mundial *Naupactus cervinus* se conocen registros de formas sexuales en la selva Paranaense, pero en las praderas de Argentina y Brasil solo hay formas asexuales. El análisis filogeográfico de esta especie permitió inferir su pasado histórico y poner a prueba la hipótesis de partenogénesis geográfica (formas sexuales habitan en áreas centrales y formas asexuales en áreas marginales). Identificamos el área central en el SE de Brasil, que concentra elevada diversidad genética, condiciones ambientales favorables y alta probabilidad de ocurrencia del ancestro de la especie. Detectamos dos expansiones del rango geográfico hacia áreas de vegetación abierta: la primera ocurrió durante el Pleistoceno a través de corredores naturales (ríos Paraná y Uruguay) y la segunda en tiempos contemporáneos, hacia la región pampeana y otros continentes como resultado del comercio. Los cambios en los sistemas de circulación atmosférica causados por las glaciaciones fragmentaron la distribución de *N. cervinus* originando dos grupos altamente divergentes. El SE de Brasil y el delta del Paraná habrían actuado como refugios. Durante el Holoceno ambos grupos entraron en contacto secundario. La carencia de formas sexuales en la muestra estudiada no permitió probar unívocamente el fenómeno de partenogénesis geográfica. El establecimiento de *N. cervinus* en regiones adversas sugiere la existencia de adaptaciones a condiciones más secas y frías que las que prevalecen en la selva Paranaense, que serían mantenidas en desequilibrio de ligamiento por la partenogénesis.

## ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Oligoryzomys longicaudatus*, RESERVORIO DEL HANTAVIRUS ANDES

Ortiz N<sup>1</sup>, RE González-Ittig<sup>1</sup>, F Polop<sup>3</sup>, V Andreo<sup>1,3</sup>, MC Provensal<sup>3</sup>, J Polop<sup>3</sup>, CN Gardenal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Diversidad y Ecología Animal, CONICET-FCEfyN, Universidad Nacional de Córdoba. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>3</sup>Grupo de Investigaciones en Ecología de Poblaciones, Facultad de Ciencias Exactas Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto.  
e-mail: natalia\_ortizo5@hotmail.com

Como aporte a los estudios sobre el mantenimiento y dispersión del hantavirus Andes en la Patagonia argentina se analizó la estructura genética poblacional de su reservorio *Oligoryzomys longicaudatus* (Cricetidae, Sigmodontinae). Las muestras proceden de los valles El Rincón, El Cajón, El Blanco y Villa Lago Rivadavia de la localidad de Cholila (Chubut) y de Leleque (Chubut), El Bolsón y Bariloche (Río Negro) y Junín de los Andes (Neuquén). Se amplificaron 8 loci de microsatélites y se caracterizó el polimorfismo multilocus de cada individuo. El análisis de  $F_{ST}$  reveló diferenciación genética moderada entre poblaciones y el test de Mantel no detectó un patrón de aislamiento por distancia. Los análisis basados en métodos bayesianos (*Structure* y *Geneland*) mostraron la existencia de tres *clusters* genéticos distribuidos latitudinalmente. En concordancia, los árboles de Neighbor-joining y UPGMA también revelaron tres grupos latitudinales de poblaciones. El análisis molecular de la varianza indicó no solo diferencias significativas entre estos grupos, sino también entre poblaciones dentro de cada grupo. Las tasas actuales de migración entre poblaciones, estimadas con BayesAss fueron, en general, bajas. Los resultados sugieren que en el área de estudio los valles, ríos y montañas no serían barreras físicas importantes para la dispersión de la especie. Sin embargo, los niveles actuales de flujo génico entre poblaciones de cada valle serían de moderados a bajos, dato que resulta de interés epidemiológico.

## SIGNOS DE DIVERGENCIA HISTÓRICA EN DOS REGIONES NO CODIFICANTES DE ADNCP EN POBLACIONES DE CURUPAY

Barrandeguy ME<sup>1,2,3</sup>, V Calonga Solis<sup>4</sup>, MV Garcia<sup>1,2,3</sup>, ED Prado<sup>3,5</sup>.  
<sup>1</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Departamento de Genética, FCEQyN, UNAM. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical (UNAM-CONICET). <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. <sup>4</sup>Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica, pcia. de Misiones. <sup>5</sup>Cátedra de Botánica, FCA, UNR. Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe.  
 e-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

La reconstrucción de los eventos que han operado sobre la distribución geográfica contemporánea de la variación genética debe contemplar tanto las influencias del intercambio genético contemporáneo como las relaciones ancestrales entre las poblaciones. En angiospermas, la variación poblacional neutral del genoma cloroplástico es empleada para esta reconstrucción ya que este genoma no sufre recombinación reteniendo las huellas de su historia evolutiva en mayor proporción que el genoma nuclear. El curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa de Sudamérica. Mediante el análisis de la distribución geográfica contemporánea de la variación genética cloroplástica se estudió la divergencia histórica en seis poblaciones ubicadas en las provincias fitogeográficas Paranaense y de las Yungas. Se secuenció en ambos sentidos el intrón *trnL* y el espaciador intergénico *ef* ubicado entre el exón 3' y el gen *trnF* del genoma cloroplástico. Se estimó el número medio de diferencias nucleotídicas y la heterocigosis por sitio. Las relaciones filogenéticas entre los haplotipos identificados se representaron en una red de haplotipos construida empleando el algoritmo *Median-Joining* (MJ). Se estableció la distancia genética y el tiempo de divergencia entre los haplotipos hallados. Las poblaciones presentaron niveles reducidos de diversidad genética cloroplástica y niveles elevados de estructuración genética. La divergencia histórica, producto de la fragmentación, se ve reflejada en la distribución geográfica contemporánea de la variación genética cloroplástica.

## DIVERSIDAD GENÉTICA DE DOS POBLACIONES DE *Pitangus sulphuratus* (TYRANNIDAE, PASSERIFORMES)

Da Ponte LN<sup>1</sup>, TM Degrandi<sup>1</sup>, R Kretschmer<sup>1</sup>, FP Torres<sup>1</sup>, AV Garnero<sup>1</sup>, RJ Gunski<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal do Pampa.  
 e-mail: letitdp@hotmail.com

La clase Aves incluye 9.600 especies y esta presionada por la fragmentación del hábitat. A pesar de su importancia, estudios genéticos que evalúen los efectos de este proceso en la estructura genética de las poblaciones de aves son escasos. *Pitangus sulphuratus* popularmente conocido como “bentevo”, presenta una amplia distribución en América del Sur, siendo una de las más abundantes especies de la familia Tyrannidae. El objetivo de este estudio fue analizar y comparar índices de diversidad genética en dos poblaciones de *P. sulphuratus* del Bioma Pampa-Río Grande do Sul/Brasil. Se tomaron muestras de sangre de 24 ejemplares de *P. sulphuratus*, que se dividieron en dos poblaciones de acuerdo con el municipio en las que fueron colectadas: San Gabriel-SG, n=10 y Don Pedrito-DP, n=14. La extracción de ADN genómico se realizó con kits comerciales y los análisis de diversidad y distancias genéticas se realizaron con datos de amplificaciones de cinco *loci* microsatélites (Sap96, Sap50, Sap104, NF1112, NF2930). Se observó un total de 75 alelos para los cinco loci. El número de alelos por locus varió de 13 para Sap104 a 17 para Sap96 y NF1112, el promedio de alelos por locus fue de 15. Los *loci* evaluados mostraron un número de alelos observado mayor que el esperado, este resultado indica que *P. sulphuratus* tiene alta variabilidad genética. Los análisis de distancia genética evidenciaron una superposición entre las muestras SG y DP, lo que indica la existencia de una única población, y que a pesar de la fragmentación de los hábitats, no hay barreras para el flujo de genes en esta región.

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL CERDO (*Sus scrofa domestica*) UTILIZANDO STR'S EN CÓRDOBA, COLOMBIA

Pardo Pérez E<sup>1</sup>, T Cavadía Martínez<sup>1</sup>, I Meléndez Gelvez<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Universidad de Córdoba. <sup>2</sup>Universidad de Pamplona.

e-mail: kikepardoperez@yahoo.com

El cerdo es un mamífero artiodáctilo, perteneciente a la Familia Suidae. Estudios paleontológicos indican que los cerdos aparecieron en bosques y pantanos del continente Euroasiático hace unos cuarenta millones de años. La diversidad genética de los cerdos domésticos necesita ser estudiada con el fin de desarrollar una adecuada estrategia de conservación para esta especie. En este trabajo, hemos utilizado marcadores microsátélites para analizar la diversidad genética del cerdo. Tres poblaciones (Momil, Cereté y Tierralta) en Córdoba, Colombia se genotipificaron con 20 microsátélites recomendados por la FAO/ ISAG para las investigaciones de la variabilidad genética de los cerdos. Todos los loci fueron polimórficos, con el número de alelos que van desde 6 (S0385) y 16 (SW1041). En todas las poblaciones se observó una sustancial variación genética. La población de cerdos en Momil muestra la variabilidad genética más baja. Pese a la amplia variación intrapoblacional, la diferenciación genética entre las 3 poblaciones fue moderada. El árbol Neighbor-joining reveló las relaciones genéticas implicadas mostrando la cercanía entre las poblaciones de Momil y Cereté y de éstas a su vez con Tierralta mientras que el análisis de componentes principales mostró la relación más estrecha entre Momil y Cereté. Los resultados permiten concluir que las poblaciones estudiadas expresan una apropiada diversidad genética.

## DIVERSIDAD MITOCONDRIAL EN CINCO POBLACIONES DE VICUÑAS

Anello M<sup>1</sup>, MS Daverio<sup>2</sup>, SR Romero<sup>3</sup>, F Rigalt<sup>4</sup>, L Vidal Rioja<sup>2</sup>, F Di Rocco<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-CICPBA La Plata, Becaria CIC. <sup>2</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-CICPBA, La Plata. <sup>3</sup>EEA Abra Pampa, INTA-Jujuy. <sup>4</sup>EEA, INTA Catamarca. <sup>5</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-CICPBA, La Plata, Investigadora CIC.

e-mail: melianello@gmail.com

La vicuña estuvo al borde de la extinción hacia fines de los 60, sin embargo, el dictado de leyes para su protección permitió su recuperación y el aprovechamiento actual de su fibra bajo manejo, tanto en silvestría como en cautiverio. Es ampliamente aceptado que la utilización de una especie debe ser controlada para evitar el impacto genético y ecológico y asegurar un uso sustentable. Con este motivo previamente analizamos la diversidad de vicuñas con marcadores STR. En este trabajo, estudiamos la diversidad genética del ADNmt de 4 poblaciones de vicuñas silvestres de Catamarca y Jujuy y de una en cautiverio. En 121 muestras amplificamos y secuenciamos 563 pb de la región control del genoma mitocondrial. Las secuencias se editaron con Geneious 7.0.5, los parámetros de diversidad se calcularon con DnaSP 5.10 y mediante Network 4.6 construimos una red de haplotipos. Identificamos 17 haplotipos distribuidos en tres *clusters* bien diferenciados, cada uno compuesto por individuos de distinto origen geográfico. Tres de las cinco poblaciones presentaron haplotipos privados, la diversidad haplotípica varió entre 0,69-0,89 y la diversidad nucleotídica entre 0,018-0,023. Las poblaciones de Catamarca y Jujuy exhiben una significativa diferenciación genética. Si bien todas las poblaciones muestran alta diversidad genética, tanto con marcadores STR como con ADNmt, la población en cautiverio presenta los valores más bajos en varios de los parámetros evaluados. Los resultados observados, por tanto, indican la importancia del monitoreo periódico de la diversidad para preservar la especie.

## ESTRUCTURA POBLACIONAL PAMPEANA EN LA TUCURA CON DIMORFISMO ALAR

### *Dichroplus vittatus*

Rosetti N<sup>1</sup>, MI Remis<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Lab. Genética de la Estructura Poblacional, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Cs. Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

e-mail: mariar@ege.fcen.uba.ar

*Dichroplus vittatus*, una tucura ampliamente distribuida en nuestro país, se caracteriza por presentar algunas poblaciones con dimorfismo alar (formas braquípteras y macrópteras). Para analizar la diferenciación genética y fenotípica se estudió un fragmento de 543 pb del gen COI mitocondrial y se midieron 5 rasgos relacionados con el tamaño corporal en 4 poblaciones pampeanas. Los estudios genéticos detectaron 4 sitios polimórficos que determinaron 6 haplotipos. Los AMOVAs utilizando los estadísticos  $\Phi_{ST}$  y  $F_{ST}$  no detectaron una estructura poblacional significativa. Los índices de diversidad fueron relativamente bajos, mientras que el índice  $D$  de Tajima reveló que la población de Winifreda es la única que ajusta a un modelo de expansión reciente ( $D=-1,73$ ,  $P=0,01$ ). La red de haplotipos indicó un moderado componente geográfico de variación. Se detectó heterogeneidad significativa en las frecuencias de los morfos alares ( $X^2=50,09$ ;  $P<10^{-4}$ ). El MANOVA demostró diferencias altamente significativas en el tamaño corporal entre poblaciones, ( $F=4,79$ ;  $P<10^{-4}$ ), entre sexos ( $F=378,81$ ;  $P<10^{-4}$ ) existiendo dimorfismo sexual sesgado hacia las hembras y entre morfos alares ( $F=582,87$ ;  $P<10^{-4}$ ) siendo los macrópteros los más grandes. Estos resultados señalarían que las poblaciones con mayor frecuencia de formas aladas y robustas experimentarían mayor capacidad de dispersión. Dada la diferencia en la incidencia del morfo altamente capacitado para la dispersión entre poblaciones es probable que la homogeneidad genética detectada se deba principalmente a polimorfismos ancestrales compartidos.

## VARIABILIDAD EN EL ADNMT, REGIONES MINISATÉLITES Y CROMOSOMAS B EN LA TUCURA *Dichroplus elongatus*

Rosetti N, M Zelarayan, MI Remis. Lab. Genética de la Estructura Poblacional, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Cs. Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

e-mail: mariar@ege.fcen.uba.ar

*Dichroplus elongatus* es un Acrido de distribución sudamericana que presenta polimorfismos para cromosomas B. El presente trabajo evalúa las relaciones entre los B y marcadores moleculares verificando la concordancia entre la estructura genética y cariotípica en 12 poblaciones de ambas márgenes del río Paraná. Los estudios moleculares analizaron 155 loci minisatélites y un fragmento de 526 pb del gen mitocondrial COI. A nivel nuclear, los portadores de B mostraron mayores valores de diversidad genética mientras que el AMOVA jerarquizado reveló diferencias significativas entre individuos con y sin cromosomas B en la poblaciones distribuidas al Este del río Paraná ( $\Phi_{PR}=0,034$ ;  $P=0,0018$ ). Asimismo, el análisis bayesiano reveló 11 *clusters* genéticos separando como grupos diferentes a los individuos portadores de B y estándar en dos poblaciones de la región Este. A nivel del ADN mitocondrial, las estimas de la diversidad genética son significativamente menores en los portadores de B respecto a los individuos estándar en la región Este mientras que el AMOVA reveló que el 28% de la variación se observa entre cariotipos ( $\Phi_{ST}=0,284$ ,  $P=0,0029$ ). La discrepancia en la estructura genética, encontrada entre los diferentes marcadores para los diferentes cariotipos puede deberse a diferencias en el tamaño efectivo, diferencias en las tasas de mutación y/o un sesgo en la dispersión. Adicionalmente los estudios de ADNmt indicarían que la aparición de cromosomas B en la región Este es más reciente y que durante la misma, los B han estado asociados a algunos haplotipos particulares.

## DIFERENCIAS MORFOMÉTRICAS ENTRE *Anastrepha fraterculus* (DIPTERA) EMERGIDAS DE HOSPEDEROS SIMPÁTRICOS

Paulin LE<sup>1,2</sup>, PV Gómez Cendra<sup>1,2</sup>, LE Oroño<sup>3,4</sup>, SM Ovruski<sup>4</sup>, JC Vilardi<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Genética de Poblaciones Aplicada, EGE, FCEyN, UBA. <sup>2</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB)-CONICET.

<sup>3</sup>Universidad Nacional de Chilecito, La Rioja. <sup>4</sup>LIEMEN-DCBP-PROIMI Biotecnología (CONICET), Tucumán.

e-mail: lpaulin@ege.fcen.uba.ar

*Anastrepha fraterculus* (Wied) (Diptera: Tephritidae) es una plaga de los frutos que se distribuye desde México hasta Argentina. Su gran diversidad morfológica, con al menos 7 morfotipos, y la diferenciación genética entre regiones sugieren que más que una especie biológica sería un complejo de especies sinmórficas. Aunque en Argentina estaría presente uno solo de los morfotipos descritos, en estudios previos se observaron diferencias moleculares entre moscas emergidas de hospederos alternativos. En este trabajo se analizaron las diferencias en el fenotipo multivariado entre moscas emergidas de tres hospederos alternativos simpátricos (guayaba, nogal y durazno) en Horco Molle, Tucumán (Argentina). Se midieron 6 caracteres morfométricos y se aplicaron métodos estadísticos tradicionales (ANOVA, MANOVA) y bayesianos (*Geneland*). Los resultados mostraron diferencias significativas entre moscas emergidas de nogal y de durazno, que están geográficamente cerca y fructifican en la misma época (noviembre-diciembre). Las moscas emergidas de guayaba, que fructifica en febrero-marzo, no difieren de las de nogal pero sí de las de durazno. Los resultados son compatibles con la hipótesis de que la población emergida de nogal sería capaz de colonizar frutos de guayaba cuando aquel fruto ya no está disponible, pero que la población emergida de durazno utilizaría otro hospedero no identificado. Se postula que la preferencia de hospedero podría haber sido un mecanismo importante en la evolución de los diversos morfotipos identificados.

## FECUNDIDAD EN LÍNEAS DE ALTA Y BAJA RESISTENCIA AL CALOR DE *Drosophila melanogaster*

Stazione L, FM Norry, P Sambucetti. Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, IEGEBA (CONICET-UBA).

e-mail: fnorry@ege.fcen.uba.ar

El nivel de actividad de los organismos depende de la temperatura. Los genes responsables de la respuesta al estrés pueden tener efectos directos sobre caracteres relacionados al *fitness*, como es la fecundidad. Este trabajo exploró el efecto de dos QTLs (*Quantitative Trait Loci*) de resistencia al calor sobre la fecundidad en alta y moderada temperatura en *Drosophila melanogaster*. Se utilizaron dos líneas homocigotas para alelos de dos QTLs de resistencia al calor en el cromosoma X (bandas 10A1-A2) y cromosoma 2 (bandas 34C-42F), mientras que el resto del genoma no segrega QTL para fecundidad. Para cada QTL, una línea es homocigota para el alelo de QTL resistente al calor y la otra línea es homocigota para el alelo sensible al calor. Se midió la fecundidad a 25° C y 30° C como así también bajo un tratamiento cíclico (8 hs: 16 hs a 25° C y 30° C, respectivamente) en hembras de cada línea. Se contabilizó el número de huevos puestos por cada hembra durante los primeros 15 días de vida. No se observaron diferencias significativas para la fecundidad a 25° C como tampoco bajo el tratamiento cíclico entre las líneas de alta y baja termotolerancia. En alta temperatura (30° C), la línea de alta resistencia al calor presentó mayor fecundidad que la de baja resistencia para el QTL del cromosoma X, no observándose diferencias para el QTL del cromosoma 2. Los resultados indican que los genotipos responsables de la resistencia al estrés térmico pueden tener efectos importantes sobre la fecundidad bajo condiciones de estrés térmico, sugiriendo efectos pleiotrópicos de los genes involucrados.

## VARIACIÓN MORFOLÓGICA EN *Drosophila melanogaster*: BASES GENÉTICAS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE

Ortiz V<sup>1</sup>, JJ Fanara<sup>1</sup>, VP Carreira<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Depto. Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. IECEBA (UBA-CONICET).  
e-mail: jjfanara@ege.fcen.uba.ar

Los caracteres adaptativos son de naturaleza cuantitativa y como tales su variación esta determinada por un componente ambiental y por la acción de poligenes que intervienen en su expresión. El componente genético de la variación fenotípica es la materia prima sobre la que operan las fuerzas evolutivas, que en el caso de la selección natural conduce al cambio adaptativo. Por lo tanto, dilucidar las bases genéticas de la variación fenotípica es necesario para comprender las relaciones genotipo-fenotipo en cuanto a sus componentes y mecanismos de cambio. Bajo este marco conceptual se estudió la arquitectura genética del tamaño corporal de *Drosophila melanogaster* identificando y caracterizando los polimorfismos genómicos que co-expresan en diferentes ambientes mediante análisis de asociación de genomas completos (GWAS). Particularmente, se analizó la variación de diversos caracteres morfológicos de ambos sexos criados a 17° C y 25° C en líneas provenientes de una población natural de las que se dispone de la secuencia de todo el genoma. Los resultados mostraron variabilidad genética natural contexto dependiente (sexo y temperatura) en todos los caracteres estudiados, siendo el aporte de la varianza debida a los factores genéticos muy importante en todos los casos. Los análisis de asociación fenotipo-genotipo (GWAS) permitieron identificar distintos polimorfismos genómicos responsables de la variación fenotípica. Estos polimorfismos naturales se encuentran en diferentes genes candidatos siendo, la gran mayoría de ellos, específicos de cada carácter y contexto-dependiente.

## QTL PARA LONGEVIDAD EN LÍNEAS RECOMBINANTES DE *Drosophila melanogaster* SOMETIDAS A DESHIDRATACIÓN

Viegas MC<sup>1</sup>, FH Gomez<sup>1</sup>, FM Norry<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IECEBA-CONICET). Intendente Güiraldes 2160, Ciudad Universitaria, Pabellón 2, C1428.  
e-mail: mceles91@hotmail.com

El estrés por deshidratación afecta la distribución, abundancia y envejecimiento de los organismos en la naturaleza. En el presente trabajo utilizamos la deshidratación como modelo de estrés y *Drosophila melanogaster* como organismo modelo para mapear loci de carácter cuantitativo (QTL) de longevidad en individuos sometidos a un ambiente de baja humedad relativa. Utilizamos el mapeo de intervalo compuesto como rutina analítica para identificar QTL en dos grupos de líneas recombinantes endocriadas (RIL) de *D. melanogaster* derivadas de poblaciones de diferente origen geográfico, RIL-D y RIL-SH. La identificación de QTL para la longevidad en condiciones de estrés ambiental es fundamental para comprender la base genética de la longevidad, ya que la tasa de envejecimiento suele estar causalmente relacionada al estrés ambiental y la mayoría de los organismos estan expuestos a este tipo de estrés en la naturaleza. El mapeo de intervalo compuesto reveló QTL que afectan a la longevidad en forma significativa en las hembras de ambos grupos de RIL. Ningún QTL significativo fue detectado en los machos. Estos resultados indican la existencia de variabilidad genética y un marcado dimorfismo sexual para la resistencia a la deshidratación en *D. melanogaster*.

## ESTRUCTURACIÓN GEOGRÁFICA DE POBLACIONES DE *Stegomyia aegypti* EN LA CIUDAD DE CÓRDOBA

Ayala AM<sup>1</sup>, NS Vera<sup>2</sup>, WR Almirón<sup>1</sup>, CN Gardenal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA, CONICET-Universidad Nacional de Córdoba). <sup>2</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba.

e-mail: anitamariayala@gmail.com

*Stegomyia aegypti* (Diptera, Culicidae) es el principal vector de Dengue y Fiebre Amarilla. La dispersión de las hembras está fuertemente condicionada por la disponibilidad de sitios adecuados para la oviposición, que generalmente se encuentran en áreas domésticas reducidas. Dado su corto rango de vuelo (100 m) y la comprobación de que ciertas condiciones espaciales actúan como barrera de desplazamiento, la dispersión a mayores distancias se explicaría por migración pasiva. Con el objeto de conocer el rango dispersivo de esta especie en ambientes urbanos, se inició el análisis de la estructura genética a escala geográfica fina. Utilizando microsátélites como marcadores moleculares se determinó el genotipo multilocus en individuos recolectados en 5 sitios, separados por 7-13 km entre sí, ubicados en el NO, NE, Centro, SO y SE de la ciudad de Córdoba. Luego de probar con una serie de loci descriptos para la especie, se seleccionaron 8 que mostraron alta variabilidad alélica. La heterocigosis media observada ( $H_o$ ) fue de 0,57 y la esperada ( $H_e$ ), 0,68; el número alélico por locus osciló entre 3 y 11. Mediante un análisis de agrupamiento Bayesiano, se identificaron 5 grupos de individuos (poblaciones) coincidentes con los sitios de muestreo, indicando alta estructuración genética dentro del área estudiada. El n hasta ahora analizado es bajo, por lo que se continúan analizando más individuos de cada sector a fin de correlacionar los resultados con datos epidemiológicos, larvales y ambientales. Se espera así aportar a la capacidad predictiva de fluctuaciones demográficas del mosquito.

## LAS YUNGAS: UN DESAFÍO PARA ESTUDIOS DE DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN POBLACIONES DE CEBIL

Goncalves AL<sup>1,2,3</sup>, MB Barrandeguy<sup>1,2,3</sup>, MV García<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical (UNAM-CONICET). <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.

e-mail: alej.gonc@gmail.com

Las Yungas se localizan en el NO argentino presentando una distribución discontinua en el sentido N-S que podría incidir en el patrón de distribución geográfico de la biodiversidad. El cebil (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie dominante del Pedemonte de las Yungas. Se analizaron cuatro loci SSRs nucleares en 98 individuos de ocho poblaciones naturales para caracterizar la diversidad genética, determinar la estructura genética poblacional y analizar la distribución geográfica de la variación genética. Se estimaron parámetros de diversidad, se infirió la estructura genética poblacional mediante algoritmos bayesianos empleando un modelo *admixture*, se realizó un Análisis de Varianza Molecular a partir de los grupos definidos y se estimó el índice  $F_{ST}$ . Las poblaciones presentaron elevada diversidad genética, excepto las provenientes de Catamarca las cuáles presentaron baja diversidad y escaso número de alelos a elevadas frecuencias. Mediante el análisis bayesiano y en base a sus genotipos multilocus los individuos fueron asignados a tres grupos conteniendo dos de ellos individuos de Jujuy, Salta, Tucumán y Santiago del Estero lo cual indicaría presencia de flujo génico y/o una dinámica histórica compartida entre estas poblaciones, en tanto que los individuos de Catamarca fueron asignados a un único grupo lo cual podría indicar una colonización reciente. El mayor porcentaje de variación estuvo contenido dentro de las poblaciones (86%) y el índice  $F_{ST}=0,14$  ( $p<0,05$ ) indicó una estructuración genética moderada entre las poblaciones reflejando moderado flujo génico.

## IMPACTO DEL MANEJO SILVÍCOLA EN LA ESTRUCTURA GENÉTICA DEL BOSQUE MIXTO DE *Nothofagus*

Sola G<sup>1,2</sup>, V El Mujtar<sup>2</sup>, L Gallo<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), San Martín de los Andes, Argentina.

<sup>2</sup> Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Unidad de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal, Bariloche, Argentina.

e-mail: solageor@yahoo.com.ar

La implementación de prácticas silvícolas en bosques nativos podría afectar sus procesos microevolutivos y su sostenibilidad ecológica. Si bien el manejo silvícola del Bosque Mixto de *Nothofagus nervosa*, *N. obliqua* y *N. dombeyi* se realiza bajo jurisdicción del Parque Nacional Lanín desde 1980, hasta el momento se desconoce mayormente su impacto. Por tal motivo, en este trabajo se evaluó la dinámica de la regeneración y la estructura genética de una parcela de 3 ha intervenida mediante aclareos sucesivos en el año 1993, combinando mapeo de individuos adultos y regeneración y caracterización genética con microsátélites (2000 individuos con 15 marcadores). Los resultados muestran cambios en la composición relativa de especies en la regeneración, con un patrón temporal variable entre las mismas. A nivel genético se encontró un mayor número de alelos en renales que en adultos de *N. obliqua* y *N. dombeyi*, determinado por una mayor contribución de: i) alelos de baja frecuencia (<2,5%) y ii) individuos híbridos en la regeneración. En tanto que no se encontró diferencia significativa en la tasa de endogamia entre adultos y regeneración para ninguna de las especies. Este análisis muestra que el mayor impacto del aprovechamiento a corto plazo es el cambio en la composición específica debido probablemente a la modificación de condiciones ambientales asociadas con la apertura del dosel. Esto facilitaría aparentemente el proceso de flujo génico intra e interespecífico. El seguimiento de este estudio permitirá comprender el impacto a largo plazo de las intervenciones silvícolas.

## ALTURA INICIAL EN PLANTINES DE *Nothofagus obliqua*: UN ATRIBUTO HEREDABLE CON IMPLICANCIAS ECOLÓGICAS

Barbero FA<sup>1</sup>, MJ Pastorino<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>INTA EEA Bariloche, Unidad de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal, CC 277 (8400) Bariloche. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

e-mail: pastorino.mario@inta.gob.ar

La altura inicial de un plantín en especies forestales esta relacionada con su capacidad de supervivencia, aptitud competitiva y potencial de crecimiento. Para analizar la variación genética de poblaciones naturales argentinas de roble pellín [*Nothofagus obliqua* (Mirb.) Oerst.] en altura al primer año de vida (H), se instaló un ensayo en invernáculo con plántulas de 98 familias de polinización abierta correspondientes a 7 poblaciones, con un DCA de parcelas de 7 plantas por repetición y 6 repeticiones por familia (3024 plantas totales). Se midió H de cada planta. Se hizo un ANOVA con un modelo lineal mixto, con familias (aleatorias) anidadas dentro de poblaciones (fijas) y se estimaron parámetros genéticos poblacionales: heredabilidad ( $h^2$ ), coeficiente de varianza genética aditiva ( $CV_A$ ) y diferenciación entre poblaciones ( $Q_{ST}$ ). La H media de todo el ensayo fue de 53 cm. Se probaron diferencias significativas entre poblaciones y variabilidad entre familias. La población del extremo norte y altitudinal (1.500 msnm) de la distribución argentina de la especie (Epulauquen) fue la de menor H media (38,8 cm) pero la de mayor variación intrapoblacional según  $CV_A$  (16,99;  $h^2=0,21$ ;  $SD_{(h)}^2=0,003$ ). La diferenciación entre poblaciones fue moderada ( $Q_{ST}=0,35$ ) y mayormente determinada por Epulauquen. También se probaron correlaciones con altitud y latitud. Estos resultados evidencian un proceso de adaptación que lleva a recomendar la preservación de los acervos genéticos locales en programas de restauración y el uso de las procedencias adecuadas en planes de forestación productiva.

## EVIDENCIAS DE ADAPTACIÓN LOCAL PARA CARACTERES CUANTITATIVOS EN *Prosopis alba* (LEGUMINOSAE)

Besega C<sup>1</sup>, M Ewens<sup>2</sup>, BO Saidman<sup>1</sup>, JC Vilardi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

<sup>2</sup>Estación Experimental Fernández, Departamento de Robles, Santiago del Estero.

e-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

Las señales de selección natural sobre caracteres cuantitativos pueden detectarse mediante la comparación de los patrones de distribución de la variación de dichos rasgos con los de *loci* neutros o por la comparación de las matrices de similitud de ambientes y fenotipos. Se estudiaron en *Prosopis alba* señales de ocurrencia de selección sobre 15 rasgos cuantitativos mediante tres aproximaciones: a) comparación  $Q_{ST}$ - $F_{ST}$  tradicional, b) test  $Q_{ST}$ - $F_{ST}$  multivariado y c) tests de neutralidad  $S$  y  $H$ . Se analizaron 172 individuos pertenecientes a 32 familias de medios hermanos procedentes de 8 orígenes cultivados en un huerto experimental en San Carlos, Santiago del Estero. La diferenciación genética estimada a través de los marcadores SSR resultó significativa ( $F_{ST} = 0,069$  IC95%: 0,022-0,114,  $p < 10^{-4}$ ). Los  $Q_{ST}$  estimados para rasgos cuantitativos variaron entre cero (largo de espina) y 0,325 (número de pinas), con un rho multivariado de 0,32. La comparación de los  $Q_{ST}$  individuales con los  $F_{ST}$  sugiere selección direccional sobre algunos rasgos y estabilizadora sobre otros. El test multivariado rechazó la hipótesis de neutralidad de los rasgos cuantitativos. Los tests  $S$  y  $H$  fueron consistentes mostrando selección direccional sobre 7 rasgos. La inclusión de variables ambientales en el test  $H$  señaló a las horas de sol y la velocidad de viento como las variables ambientales que más afectan la variación cuantitativa de los rasgos estudiados. Se concluye que las poblaciones han experimentado selección natural divergente para los rasgos estudiados y se da evidencia de adaptación local.

## INFLUENCIA DEL PAISAJE EN LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Euterpe edulis* MARTIUS (ARECACEAE)

Montagna T<sup>1,2</sup>, JZ Silva<sup>1,2</sup>, F Steiner<sup>2</sup>, VH Buzzi<sup>2,3</sup>, NG Andrade<sup>3</sup>, MS Reis<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina. <sup>2</sup>Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais/Universidade Federal de Santa Catarina. <sup>3</sup>Faculdade de Agronomia/Universidade Federal de Santa Catarina.

e-mail: gunnermontagna@gmail.com

*Euterpe edulis* es una palmera nativa del Bosque Atlántico, conocida por producir el palmito y la pulpa açai. Sus poblaciones sufrieron severas reducciones, especialmente por su histórico uso y hoy se encuentran en un bioma bastante fragmentado y reducido. El objetivo de este estudio fue evaluar la influencia de características del paisaje en indicadores de diversidad genética de individuos reproductivos y regenerantes de *E. edulis*. Fueron muestreados adultos y regenerantes (50 de cada) en nueve poblaciones (fragmentos), siendo estas muestras genotipadas con 14 locus isoenzimáticos. A través de un análisis de redundancia (RDA) la variación en los índices genéticos fue restringida por la variación de las métricas de mancha que describen los fragmentos donde están cada par de poblaciones. Las métricas utilizadas fueron área, índices de forma y de proximidad, relación perímetro/área y distancia del vecino más próximo. Las poblaciones reproductivas presentaron, en promedio, 29 alelos,  $\hat{H}_E = 0,229$ ,  $\hat{H}_O = 0,202$  y  $f = 0,120$ , las regenerantes, 28 alelos,  $\hat{H}_E = 0,214$ ,  $\hat{H}_O = 0,218$  y  $f = -0,019$ . Las RDA no fueron significativas ni para los adultos ni para los regenerantes, señalando que la manutención de las heterozigosidades y la reducción entre las cohortes son poco influenciadas por las métricas de paisaje estimadas. La biología reproductiva de la especie parece tener papel más importante que el paisaje en la variación de los índices de diversidad genética. Apoyo: FAPESC-IFF/SC, CAPES, CNPq

## PARENTAGE ANALYSIS IN TWO CONTIGUOUS FOREST FRAGMENTS CONTAINING *Araucaria angustifolia* BERTOL KUNTZ

Klabunde GHF<sup>1</sup>, TC Tomazetti<sup>1</sup>, MD Rossarola<sup>1</sup>, R Matielo<sup>2</sup>, VM Stefenon<sup>2</sup>, RO Nodari<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, UFSC, Florianópolis, Brasil. <sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Brasil.

e-mail: klabunde.gustavo@gmail.com

Brazilian pine tree (*Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze) is one of the four native conifers from Brazil and the most threatened due to decades of massive logging, and crop and livestock expansion. Brazilian pine's landscapes are intensely fragmented, especially in Southern Brazil, causing disruption in gene flow. Two contiguous forest fragments, far apart by 1.060 m, were sampled in Santana da Boa Vista, RS, Brazil, aiming to analyze gene flow between fragments through pollen and seed. The 1<sup>st</sup> site contains adults of *A. angustifolia* (n=36) and the 2<sup>nd</sup> forest site contains only juveniles (n=51). DNA were isolated from leaf tissue of all existing plants and genotyped with nine SSR loci (Aang01, Ag20, Ag23, Ag45, Ag56, Ag62, Ag94, CRCA1 and CRCA2) by capillary electrophoresis. The amplified number of alleles ranged from two (CRCA1) to 14 (Ag94; Aang01) with an average of 8 alleles per locus and a total of 72 amplified alleles. Parentage analysis (Parent Pair-Sexes Unknown) was performed with the Cervus 3.0 software. Six out of 51 juveniles are full offspring (recipients of pollen and ovule) from candidate parents of the 1<sup>st</sup> site, 14 juveniles have one parent in the 1<sup>st</sup> fragment, being the other parent from nearby plant or population, and 31 juveniles have none of the parents from the 1<sup>st</sup> site. Our hypothesis is that animals carried seeds from another fragments into the 2<sup>nd</sup> site, which can be a feeding/nesting site. Such forest fragments play an important role for species genetic resource conservation despite all adversities caused by anthropogenic effects.

## CARACTERÍSTICAS DEL PAISAJE Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Podocarpus lambertii*, UNA ESPECIE AMENAZADA

Bernardi AP<sup>1,2</sup>, JZ Silva<sup>1,2</sup>, T Montagna<sup>1,2</sup>, F Steiner<sup>2</sup>, VH Buzzi<sup>2</sup>, MS Reis<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina. <sup>2</sup>Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais-NPFT.

e-mail: bernardialison@gmail.com

*Podocarpus lambertii* Klotzch ex Endl. (Podocarpaceae) es una conífera nativa, dioica, característica en la Selva Ombrófila Mixta. Informaciones ecológicas y genéticas de la especie son escasas y el paisaje donde la misma se encuentra está muy fragmentado. El objetivo del estudio fue evaluar las asociaciones de características del paisaje y índices de diversidad genética de poblaciones de *P. lambertii*. El estudio fue conducido en 12 poblaciones de la especie. Fueran utilizadas 16 métricas de clase que detallan las características del área, bordes, forma, división y proximidad de las áreas y ocho métricas de mancha que detallan las características del fragmento, más nueve indicadores de diversidad genética (*Alelos*,  $P$ ,  $\hat{A}$ ,  $\hat{A}_p$ ,  $\hat{H}_E$ ,  $\hat{H}_O$ ,  $f$ , *Raros*, *Exclusivos*). Se utilizó el análisis de componentes principales (PCA) para evaluar la asociación entre la diversidad genética y las métricas de clase y mancha. Las poblaciones presentan en promedio bajas heterocigosidades esperada y observada, altos índices de fijación y fuerte estructuración. Los PCA indican que la diversidad genética de *P. lambertii* es mayor cuando existen retallos en el paisaje, cercanos y de formato irregular, bien como la diversidad genética de la especie es menor en ambientes con mayores áreas y áreas-núcleo. Los resultados combinados sugieren que la fragmentación en las áreas puede no haber afectado genéticamente a estas poblaciones o que no hubo tiempo suficiente (generaciones) para que se pueda capturar los efectos del proceso de explotación. Apoyo: FAPESC-IFF/SC, CAPES, CNPq.

## ANÁLISIS GENÉTICO DE TRES ESPECIES AMERICANAS DE *Acacia* USANDO MARCADORES AFLP

Pometti C<sup>1</sup>, JC Vilardi<sup>1</sup>, BO Saidman<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.  
e-mail: cpometti@ege.fcen.uba.ar

Las especies *Acacia caven*, *A. curvifructa* y *A. farnesiana*, pertenecen al subgénero *Acacia*. La relación entre éstas es controversial ya que varios autores observaron una gran similitud en caracteres morfológicos y bioquímicos. En este estudio, se analizó la efectividad de cuatro combinaciones de cebadores de AFLP para la diferenciación genética entre y dentro de 9 poblaciones de las especies mencionadas anteriormente. Las cuatro combinaciones de cebadores revelaron un total de 228 bandas en 154 individuos. La utilidad de los cuatro cebadores se evaluó por medio del criterio de información polimórfica (PIC), el índice de marcador (MI) y el poder de resolución (RP). El PIC obtenido fue similar para las 4 combinaciones ( $\sim 0,36$ ). El rango de MI fue de 17,39 a 27,38 y el de RP, fue de 30,70 a 59,50. Además, RP mostró una correlación significativa con PIC ( $r=0,98$ ;  $P=0,02$ ), pero ninguno de estos mostró correlación con MI. Los valores de estos tres índices pueden ser considerados relativamente altos, indicando su efectividad para discriminar individuos de diferentes poblaciones y variedades/especies. La diferenciación genética fue analizada mediante un AMOVA jerarquizado y mostró que la mayor parte de la variabilidad genética estaba contenida dentro de las poblaciones (59%). El componente de la varianza entre especies fue de 16,1% y entre poblaciones dentro de cada especie fue de 24,9%. Los tres componentes fueron altamente significativos. La diferenciación entre poblaciones fue alta  $\Phi_{ST}=0,41$ . Todos los resultados en conjunto, apoyan la existencia de tres especies individuales.

## DIVERSIDAD GENÉTICA EN ESPECIES VEGETALES DEL MONTE PATAGÓNICO: EFECTOS DEL PASTOREO

Tadey M<sup>1</sup>, CP Souto<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Lab. Ecotono-CONICET. <sup>2</sup>Lab. Ecotono-INIBIOMA-CONICET.  
e-mail: mtadey@conicet.gov.ar

La introducción de ganado en áreas naturales causa empobrecimiento del hábitat. La capacidad de las especies para adaptarse a ambientes sometidos a disturbios, como el pastoreo, depende de la existencia de variabilidad genética. El ganado puede reducir los tamaños poblacionales de las especies consumidas. Sin embargo, se desconoce como actúa el ganado sobre el acervo genético de estas especies. Este trabajo analiza el efecto del ganado sobre los niveles de variabilidad genética de *Larrea cuneifolia* y *Larrea divaricata* (jarillas) a lo largo de un gradiente de pastoreo, hipotetizando que el ganado al consumir y/o matar individuos de una población disminuye su variabilidad genética. Se muestrearon 30 individuos en 10 campos con creciente carga ganadera pero que comparten el mismo ambiente. Mediante electroforesis isoenzimática se obtuvieron 9 enzimas (14 loci), se calcularon niveles de endogamia, divergencia genética y parámetros estándar de variación genética poblacional. La variabilidad genética de las jarillas disminuye a medida que aumenta la carga ganadera. El ganado también afecta la estructura genética de estas especies generando estructuras familiares a menor distancia en los campos más pastoreados. La variabilidad genética es erosionada a través de la deriva génica y depresión por endogamia, reduciendo el potencial adaptativo de las especies afectadas. Estos resultados indicarían que las presiones selectivas de pastoreo pueden incrementar el riesgo de desertificación del Monte a través del empobrecimiento genético a escala comunitaria.

## ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL DE *Araucaria angustifolia* (BERTOL.) O. KUNTZE EN SANTA CATARINA, BRASIL

Cristofolini C<sup>1</sup>, W Vieira<sup>1</sup>, AA Zechini<sup>1</sup>, F Steiner<sup>1</sup>, T Montagna<sup>1</sup>, VH Buzzi<sup>1</sup>, AG Mattos<sup>1</sup>, S Filippou<sup>1</sup>, A Mantovani<sup>2</sup>, MS Reis<sup>1</sup>. <sup>1</sup>NPFT-UFSC. <sup>2</sup>CAV-UDESC.

e-mail: carol.cristofolini@gmail.com

En el inicio del siglo XX aproximadamente 35% de la cobertura vegetal de los tres Estados del Sur de Brasil estaban representados por los bosques de *Araucaria*. Actualmente se estima que los remanentes de este bosque no sobrepasan 5%. Gran parte de las poblaciones naturales de *Araucaria angustifolia* fueron devastadas para la explotación de madera y hoy la especie es considerada “críticamente amenazada” por la IUCN. Se estudió la diversidad y estructura genética de una población de *A. angustifolia* con fuerte histórico de exploración en una Unidad de Conservación del Estado de Santa Catarina, con el propósito de generar informaciones para proponer estrategias de conservación y uso de la especie. Todos los individuos adultos (272) fueron recolectados en una parcela de 2,72 ha en la Floresta Nacional de Três Barras y genotipadas utilizando nueve marcadores microsatélites. La población presentó alta diversidad genética (0,62), sin embargo alta y significativa estructuración genética, sugiriendo parentesco entre los individuos distanciados hasta 63 m. Este resultado puede ser reflejo de la fuerte explotación maderera que ocurrió en el sitio de estudio. Por lo tanto, para trazar estrategias eficientes de conservación y uso de la especie en el área, es necesaria la evaluación de generaciones más recientes para verificar si esta estructuración se mantiene o si el flujo génico fue eficiente en revertir esta situación. Apoyo: CAPES, CNPq, FAPESC/PRONEX.

## GENÉTICA DEL PAISAJE EN POBLACIONES NATURALES DE *Prosopis alba* (LEGUMINOSAE, MIMOSOIDEA)

Roser LG<sup>1</sup>, LI Ferreyra<sup>1</sup>, M Ewens<sup>1</sup>, BO Saidman<sup>1</sup>, JC Vilardi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IEGEB-CONICET. Dpto. EGE, FCEN-UBA.

e-mail: learoser@gmail.com

*Prosopis alba* es una importante especie forestal que habita el Noroeste argentino. En épocas recientes, las poblaciones de esta especie se vieron reducidas debido al avance de la frontera agrícola. En particular, la provincia de Santiago del Estero ha sufrido una alta deforestación en la última década. Se estudiaron 5 loci microsatélites en 108 individuos distribuidos en la zona de irrigación del río Dulce. Todos los loci fueron polimórficos, con un rango de 5 a 6 alelos por locus y con un total de 27 alelos. El análisis de AMOVA considerando los 5 sitios de muestreo como poblaciones, indica que el 2,24% de la varianza se encuentra entre las mismas ( $F_{st}=0,016$ ). Con el programa *STRUCTURE* no se detecta estructuración, sin embargo el análisis con *Geneland* reconoce dos grupos ( $F_{st}=0,022$ ). Un AMOVA teniendo en cuenta estas categorías, resultó altamente significativo, indicando que la varianza entre los grupos representa un 3,94% de la varianza total. Este estudio indicaría una diferenciación incipiente, posiblemente mediada por la barrera representada por el río Dulce. El proceso de fragmentación actual es difícil de observar, debido al largo período generacional de las especies forestales y la ocurrencia de repoblamiento mediados por actividad antrópica.

## PRESENCIA ESPORÁDICA DE CMS-PET1 DE GIRASOL EN POBLACIONES NATURALES DE *Helianthus* EN ARGENTINA

Mondon A<sup>1</sup>, A Garayalde<sup>1</sup>, M Cantamutto<sup>1,2</sup>, M Poverene<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>CERZOS-CONICET. <sup>2</sup>Dpto. de Agronomía, U.N.S.

e-mail: almondon@criba.edu.ar

En varias localidades de las provincias de Buenos Aires, La Pampa y San Luis existen zonas híbridas con poblaciones naturales integradas por individuos de *Helianthus annuus* (ANN) y *H. petiolaris* (PET), en las que aparecen en forma recurrente individuos con morfología intermedia entre las dos especies (FDT). Para explorar la introgresión del girasol en esas zonas híbridas se amplificaron mediante PCR dos genes mitocondriales (coxIII y orfH522) asociados a CMS-PET1, la fuente de androesterilidad de los híbridos de girasol. Los productos de PCR se resolvieron en geles de agarosa y se incluyeron como testigos las líneas puras HA89A, A10 (androestériles) y HA89B (androfértil). El gen mitocondrial orfH522 se presentó, producto de amplificación, solamente en los ejemplares ANN de uno de los cuatro sitios analizados. Estos resultados representan un indicio sobre el posible origen exo-feral de algunas plantas de las poblaciones naturales de ANN de Argentina, dada la presencia de la banda de los híbridos comerciales de girasol. En otras accesiones, correspondientes a poblaciones naturales donde existe flujo génico entre ambas especies, los individuos no derivarían de plantas de girasol con CMS-PET1.

## EFFECTO DE LA ACLIMATACIÓN EN LA TOLERANCIA AL FRÍO DE POBLACIONES ARGENTINAS DE *Helianthus petiolaris*

Gutierrez A<sup>1</sup>, M Poverene<sup>1,2</sup>, M Cantamutto<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>CERZOS-CONICET. <sup>2</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur.

e-mail: aguti@criba.edu.ar

La aclimatación puede afectar el grado de tolerancia de las plantas a bajas temperaturas, que es uno de los estreses abióticos más nocivos. Se analizaron seis accesiones de poblaciones naturales de *H. petiolaris* generadas a partir de plantas nacidas temprano a la salida del invierno, que podrían contar con tolerancia a bajas temperaturas durante la implantación. Se realizaron dos tratamientos en cámara de crecimiento e invernáculo bajo condiciones controladas de temperatura, humedad y luz: 1) plantas con aclimatación al frío y período de heladas y 2) plantas sin aclimatación al frío y período de heladas. Como controles se utilizaron los mismos biotipos crecidos en invernáculo. Se evaluó crecimiento, contenido de clorofila y electrolitos al fin de cada tratamiento y luego de siete días de recuperación en invernadero. Los resultados mostraron que las bajas temperaturas afectaron a todos los rasgos estudiados. El contenido de electrolitos arrojó diferencias significativas entre las accesiones, siendo Colonia Barón la que mostró mejor recuperación luego del estrés por frío. Por otro lado, Carhué y Quenumá fueron poco afectadas pero no tuvieron una recuperación significativa. Se concluye que la accesión de Colonia Barón puede considerarse un recurso genético potencialmente útil para la mejora por tolerancia a frío en etapas iniciales del girasol.

## SELECCIÓN MEDIADA POR AVES EN UNA PROGENIE ENTRE GIRASOL CULTIVADO Y *Helianthus annuus* RUDERAL

Presotto A<sup>1,2</sup>, L Zubiaga<sup>3</sup>, M Cantamutto<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Dpto. Agronomía (UNS). <sup>2</sup>CONICET-Bahía Blanca. <sup>3</sup>EEA INTA Hilario Ascasubi.

e-mail: apresotto@uns.edu.ar

Las poblaciones ruderales de *H. annuus* (ANN) de Argentina habitan en áreas próximas a cultivos de girasol, donde ocasionalmente aparecen híbridos entre ambos biotipos. Sin embargo, algunos caracteres del cultivo confieren una desventaja adaptativa a las progenies por lo que serían rápidamente eliminados durante la selección. Uno de los agentes que participan en la selección son las aves granívoras, al seleccionar semillas para alimentarse. El objetivo fue evaluar el efecto de dos ciclos de selección por aves sobre la morfología de una progenie entre girasol (DK3880) y una accesión de ANN. Las plantas fueron criadas en el campo experimental y expuestas a predación por aves durante dos ciclos sucesivos. Como control, un grupo de plantas fueron protegidas de la actividad de las aves tapando los capítulos antes de la antesis. Los parámetros morfológicos de semilla y plantas de la tercera generación se analizaron mediante ANOVA, índice híbrido y análisis multivariado. La progenie seleccionada presentó semillas, con menor peso, ancho y espesor que la progenie sin selección. Sus plantas presentaron 5/15 caracteres métricos que no se diferenciaron del ANN, mientras que la progenie sin selección solo compartió 2/15. El índice híbrido también mostró mayor proporción de caracteres de ANN en la descendencia seleccionada por las aves. En conclusión, las aves contribuirían a eliminar aquellos rasgos del cultivo ligados a un costo adaptativo en progenies entre girasol y poblaciones ruderales de la misma especie.

## FENOTIPADO DE INDIVIDUOS *Brassica rapa* EXPUESTOS A FLUJO GÉNICO DE COLZA IMI-RESISTENTE

Torres Carbonell F<sup>1</sup>, MS Ureta<sup>1,2</sup>, C Pandolfo<sup>1</sup>, MA Cantamutto<sup>1,2</sup>, M Poverene<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Sur. <sup>2</sup>CERZOS-CONICET.

e-mail: msureta@uns.edu.ar

*Brassica rapa* (nabo, maleza) es una especie sexualmente compatible con la colza-canola (*B. napus*), cuyos híbridos pueden retrocruzarse con la maleza. Luego de dos generaciones de retrocruza, las plantas serían morfológicamente indistinguibles de *B. rapa*, por lo que los genes del cultivo podrían persistir en forma encubierta en las poblaciones de la maleza. El objetivo fue comparar métodos diferentes de detección de híbridos entre la especie silvestre y el cultivo de colza. Se estudiaron 1024 descendientes de una población de *B. rapa* en floración lindante con un cultivo de colza resistente a herbicida imidazolinona observada en Balcarce. Sin pulverizar, la progenie presentó 61 plantas fuera de tipo (FT) con caracteres morfológicos del cultivo. Por otro lado se aplicó Imazetapir a doble dosis comercial a una muestra de 896 plantas descendientes de la misma población. Los sobrevivientes fueron analizadas por citometría de flujo confirmando como híbridas 11 de 16 plantas analizadas. Algunos rasgos morfológicos fueron similares entre las plantas FT pulverizadas y sin pulverizar. Las plantas FT pulverizadas se asemejaron al cultivo de colza. Los resultados demostraron la factibilidad de distinguir fenotípicamente a las plantas con genes de resistencia a herbicidas imidazolinonas entre los descendientes de cruzamientos maleza-cultivo.

## PERSISTENCIA DE LA RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS EN POBLACIONES SILVESTRES DE *Brassica* Y *Raphanus*

Ureta MS<sup>1,2</sup>, M Hernandez<sup>1</sup>, C Pandolfo<sup>2</sup>, MA Cantamutto<sup>1,2</sup>, M Poverene<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Sur. <sup>2</sup>CERZOS-CONICET. e-mail: mario.s.hernandez@hotmail.com

Las variedades de colza resistentes a herbicidas que se siembran en Argentina, llevaron al estudio del impacto que podría tener esta tecnología sobre las especies silvestres emparentadas, que son malezas en la región pampeana. El objetivo fue estimar la persistencia de la resistencia a imidazolinonas (IMI) en poblaciones, inicialmente susceptibles, emparentadas con *Brassica napus* y *Raphanus sativus* resistentes. Previamente se realizó un ensayo en condiciones controladas de polinización libre entre una variedad de colza y una accesión de *R. sativus* IMI resistentes y accesiones susceptibles de *B. rapa* (BR), *B. juncea* (BJ) y *R. sativus* (RS), obteniéndose una primera generación resistente al herbicida (G1). Las semillas de esta descendencia se colocaron nuevamente en macetas (80 plantas por cada genotipo) en una jaula de malla de exclusión de insectos junto con 80 plantas de *B. napus* IMI resistente para obtener la G2. Las semillas cosechadas fueron sembradas en bandejas plásticas y pulverizadas con el herbicida imazetapir 2X la dosis recomendada en estadio de 4 hojas. El total de plantas resistentes en la segunda generación (G2) para cada especie fue superior al encontrado en la generación anterior (G1): BR (G1:0,1% vs. G2:3,4%), RS (G1:2,6% vs. G2:14,47%), BJ (G1:0% vs. G2:1,05%). A pesar del número bajo de individuos resistentes obtenidos en la primera generación, la resistencia al herbicida aumentó en forma significativa en la generación siguiente. Los resultados aquí obtenidos muestran una rápida introgresión de la tolerancia a herbicidas IMI en las malezas *Brassicaceas*.

## TRANSFERENCIA DE MARCADORES MICROSATÉLITES DE DIFERENTES ESPECIES DE POACEAS A *Festuca pallescens*

López AS<sup>1,2</sup>, GL Siffredi<sup>1</sup>, DR López<sup>1</sup>, P Marchelli<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. e-mail: lopez.aldana@inta.gob.ar

*Festuca pallescens* es una forrajera nativa de gran interés productivo cuya distribución abarca una gran diversidad de ambientes y distintas áreas ecológicas en Patagonia. El objetivo de este trabajo fue obtener un conjunto de marcadores moleculares hipervariables del tipo microsatélites (SSRs y EST-SSRs) para ser usados en estudios de genética poblacional en *Festuca pallescens*. Se realizó una selección de 20 SSRs desarrollados en distintas especies de *Festuca*, *Triticum*, *Poa*, *Lolium* y *Fetulolium* las cuáles están filogenéticamente relacionadas con *F. pallescens*. Se buscaron tanto microsatélites de secuencias codificantes (EST) como no codificantes. Para una detección preliminar de polimorfismo, se seleccionaron 8 individuos de poblaciones distantes a lo largo de una transecta O-E siguiendo un gradiente pluviométrico decreciente en Patagonia Norte. Se extrajo ADN de hojas, se probó la amplificación de los microsatélites con diferentes condiciones de PCR y se verificó en geles de agarosa 2,5 %. Los productos de amplificación fueron analizados en un secuenciador capilar. Trece de los 20 microsatélites amplificaron exitosamente registrándose entre 2 y 11 alelos por locus. La elevada tasa de transferencia estaría relacionada con la cercanía filogenética dentro de las Poaceas y es de esperar que se encuentren más alelos cuando se amplíe el número de individuos. Estos marcadores constituyen una herramienta de gran utilidad para estudios genéticos y ya están siendo utilizados para analizar la variación genética de la especie a lo largo de un gradiente de precipitaciones.

## NIVELES DE PLOIDÍA EN POBLACIONES NATURALES DE ESPECIES SEXUALES Y APOMÍCTICAS DEL GÉNERO *Paspalum*

Schedler M<sup>1</sup>, AL Zilli<sup>1</sup>, CA Acuña<sup>1</sup>, AI Honfi<sup>2</sup>, EJ Martínez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Corrientes. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNaM, Misiones.

e-mail: schedlermara@gmail.com

El conocimiento de la diversidad genética de nuestros recursos naturales es de vital importancia para lograr su conservación y uso sustentable. El objetivo del trabajo fue la obtención y determinación del nivel de ploidía de poblaciones naturales de 4 especies poliploides sexuales y una especie apomíctica de *Paspalum*. *P. durifolium* y *P. ionanthum* son de reproducción sexual y autoestériles, *P. regnellii* y *P. urvillei* son sexuales y autofértiles y *P. intermedium* es sexual y apomíctico. El muestreo consistió en la colecta de 5 poblaciones, en transectas de 200 metros, de 20 individuos para cada una de las especies sexuales y 7 poblaciones para la especie apomíctica. El nivel de ploidía se determinó mediante citometría de flujo, y luego fueron ubicados en mapas georeferenciados, a través del programa Diva-Gis. Todas las poblaciones de *P. regnellii* fueron colectadas en la provincia de Misiones; mientras que las poblaciones de *P. ionanthum* y *P. durifolium* fueron obtenidas en la provincia de Corrientes. Las poblaciones de *P. urvillei* fueron obtenidas en Corrientes, Chaco, Entre Ríos, Misiones y Santa Fe. Todos los individuos de las poblaciones de *P. durifolium*, *P. ionanthum*, *P. regnellii* y *P. urvillei* resultaron tetraploides ( $2n=4x=40$ ). Por último, dos poblaciones de *P. intermedium* resultaron diploides ( $2n=2x=20$ ), una de Corrientes y otra de Formosa; tres fueron tetraploides puras, dos de Corrientes y una de Santa Fe; y las dos restantes, resultaron 4x mixtas, una de Entre Ríos con un individuo 2x y otro 3x, y una de Santa Fe con una planta 2x.

## VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES ARGENTINAS DE MANZANO SILVESTRE (*Malus* sp.) CON MARCADORES SSR

Calvo P<sup>1</sup>, A Carrera<sup>2</sup>, MM Poverene<sup>2</sup>. <sup>1</sup>INTA-EEA Alto Valle.

<sup>2</sup>Departamento de Agronomía UNS y CERZOS-CCT Bahía Blanca (8000).

e-mail: calvo.paula@inta.gob.ar

Se estudió la variabilidad de 23 poblaciones de manzanos silvestres colectadas en la cordillera andina. El estudio incluyó 105 individuos silvestres y 4 variedades cultivadas que representan la mayor parte del germoplasma bajo cultivo comercial. Se encontró un total de 46 alelos utilizando 10 iniciadores SSRs. Se obtuvieron valores promedio de diversidad: 2,3 alelos; 91% de polimorfismo; 0,49 para la heterocigosis insesgada de Nei y 0,56 para la heterocigosis observada. En todos los parámetros de diversidad el grupo de variedades cultivadas obtuvo los valores más elevados. Los valores de diversidad obtenidos en las poblaciones silvestres son menores a los reportados para la especie en estudios similares, lo que indicaría la presencia de un efecto fundador. El análisis de varianza molecular mostró el 66% de la variación genética dentro de las poblaciones. No se evidenció una fuerte estructuración, sin embargo, los valores hallados son mayores que los esperados para la especie, lo que podría indicar un incipiente proceso de fragmentación. Se encontró ausencia de correlación entre las distancias genéticas y las geográficas ( $r=0,11$ ) lo que indica que no hay diferenciación por distancia entre los individuos. Los análisis de agrupamiento y de coordenadas principales a partir de las distancias genéticas ubicaron al grupo de variedades cultivadas diferenciado de los silvestres. El estudio revela que las poblaciones de manzanos de cordillera se originaron a partir de la introducción de pocos individuos y que el germoplasma colectado se diferencia de los cultivares comerciales.

## EVIDENCIA DE RECOMBINACIÓN EN EL GEN DE LA CÁPSIDE PROTEICA DE *GARLIC COMMON LATENT VIRUS*

Celli MG<sup>1</sup>, AK Torrico<sup>1</sup>, MC Perotto<sup>1,2</sup>, VC Conci<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Patología Vegetal (IPAVE) INTA; Camino. 60 cuadradas Km 5,5 (5119) Córdoba, Argentina. <sup>2</sup>CONICET.  
e-mail: concivilma@inta.gob.ar

En diversos países existen registros de infección de plantas de ajo por *Garlic common latent virus* (GarCLV). Se conoce la existencia de dos subgrupos filogenéticos, pero los eventos de recombinación intraespecies no han sido investigados suficientemente hasta la fecha. En este estudio se propuso detectar posibles recombinaciones, el mayor y menor parentesco y la localización de los puntos de quiebre en el gen que codifica la cápside proteica (CP) que contiene aprox. 960 nucleótidos (nt). Para el análisis, fue utilizando el programa RDP4 v.4.22 con los métodos RDP, GENECONV, Chimera, MaxChi, BootScan, SISCAN y 3Seq con múltiple comparación y valor de  $P < 0,01$ . Los eventos de recombinación fueron considerados significativo cuando detectados por tres o más métodos y con evidencia filogenética. Con base en el conjunto de datos disponible (49 secuencias), el análisis en RDP4 mostró siete posibles eventos de recombinación, de los cuales cinco de Polonia fueron considerados significativos por mostrar evidencia filogenética. Cuatro recombinantes mostraron mayor parentesco con aislamientos de Polonia (KF862692 y KF862695) y menor parentesco en la región N-terminal con un aislamiento de Australia (JQ899445) y que pertenece a otro grupo filogenético. El último recombinante mostró mayor y menor parentesco con dos secuencias también de Polonia. El análisis de la CP de los 49 aislamientos de GarCLV indicaron la existencia de 5 secuencias recombinantes, todas de Polonia. Financiamiento: INTA y CONICET.

## DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Cordia verbenacea* DC. EN RESTINGA, BRASIL

Hoeltgebaum MP<sup>1</sup>, AP Bernardi<sup>1</sup>, T Montagna<sup>1</sup>, MS Reis<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Dep. de Fitotecnia, Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais-Brasil.  
e-mail: mphmarcia@gmail.com

*Cordia verbenacea* DC. es una especie nativa de la restinga en la Floresta Atlántica en todo Brasil y presenta relevantes propiedades medicinales. Es explotada por comunidades locales y por la industria farmacéutica, sin embargo necesita de informaciones genéticas. Por lo tanto, el objetivo del estudio fue caracterizar la diversidad y estructura genética de tres poblaciones de *C. verbenacea* de Santa Catarina, Brasil. Fueron recolectadas hojas de 50 individuos adultos en cada una de las tres áreas de estudio y las frecuencias alélicas de las poblaciones fueron obtenidas desde 14 locus isoenzimáticos. Fueron encontrados 25 alelos distintos en las tres poblaciones, siendo dos alelos exclusivos y cinco alelos raros. La  $P$  fue de 41% y el  $\bar{A}$  de 1,57, en promedio. Las poblaciones presentaron diversidad genética promedio de 0,111 y un  $F$  promedio de -0,06 (desde -0,273 hasta 0,222). Los índices de fijación fueron todos significativos y discrepantes entre las poblaciones, siendo que dos de ellas presentaron exceso de heterocigotos. La divergencia interpoblacional ( $F_{ST}$ ) fue significativa e igual a 0,079, es considerada moderada y sugiere efectos de subdivisión poblacional. Los altos índices de fijación y la moderada divergencia encontrada entre las poblaciones analizadas apuntan la necesidad de conservación de los fragmentos urbanos pequeños y antropizados. Apoyo: CNPq, CAPES, FAPESC/PRONEX.

## ESTUDIO EVOLUTIVO DE PLANTAS HOLOPARÁSITAS DEL GÉNERO *Lophophytum* (BALANOPHORACEAE)

Ceriotti LF<sup>1</sup>, J Wohlfeiler<sup>1</sup>, MV Sanchez-Puerta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM-CONICET), FCA y FCEN, U.N. Cuyo.  
e-mail: ceriotti.fede@gmail.com

La familia Balanophoraceae comprende 17 géneros con 44 especies de plantas aclorófitas, holoparásitas de raíces. Existen grandes desafíos en su clasificación debido a la escasez de caracteres morfológicos, producto de la extrema reducción de la morfología floral y vegetativa y a la alta divergencia en la secuencia de sus genes. Según estudios morfológicos previos, el género *Lophophytum* pertenecería a la familia Balanophoraceae. Sin embargo, ninguna especie del género ha sido analizada molecularmente y por lo tanto no hay análisis filogenéticos que evalúen dicha hipótesis taxonómica ni sus relaciones evolutivas dentro de la familia. En este trabajo, se estudiaron dos especies de *Lophophytum*, *L. leandrii* y *L. mirabile*, parásitas de angiospermas leguminosas. Para ello se utilizaron seis marcadores moleculares, ubicados en los genomas nucleares y mitocondriales (*cox1*, *atp1*, *atp8*, *cob*, *matR* y SSU rRNA) y se realizaron análisis filogenéticos con cada uno. A partir de dichos análisis, se confirmó la afiliación de *Lophophytum* con la familia Balanophoraceae y en particular con los géneros *Ombrophytum* y *Scybalium*. Se observó también que sus genes habrían sufrido un aumento en la tasa de sustitución desde la transición al parasitismo. Las filogenias de algunos genes mitocondriales mostraron relación entre *Lophophytum* y la familia Fabaceae. Este resultado sugiere que dichos genes podrían ser producto de la transferencia génica horizontal en sentido hospedador-parásito.

## CARACTERÍSTICAS DEL PAISAJE Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Dicksonia sellowiana*, UNA ESPECIE AMENAZADA

Silva JZ<sup>1,2</sup>, T Montagna<sup>1,2</sup>, AP Bernardi<sup>1,2</sup>, F Steiner<sup>2</sup>, VH Buzzi<sup>2,3</sup>, NG Andrade<sup>3</sup>, MS Reis<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina. <sup>2</sup>Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais/Universidade Federal de Santa Catarina. <sup>3</sup>Faculdade de Agronomia/Universidade Federal de Santa Catarina.  
e-mail: jzagos@yahoo.com.br

*Dicksonia sellowiana* (Presl.) Hooker, popularmente conocida como *xaxim*, fue una especie muy explotada en Brasil, debido a su tallo, usado en la producción de vasos y sustratos. La especie está presente en América Latina desde el sur de México hasta el Uruguay, desarrollándose preferentemente en zonas húmedas y frías. A fin de fundamentar acciones para la conservación, este estudio relacionó la influencia de las características del paisaje sobre la diversidad genética de poblaciones de la especie, empleando el análisis de componentes principales. El estudio fue conducido con 10 poblaciones (dos categorías en cada población: jóvenes y adultos). Se utilizaron 16 métricas de clase para caracterizar la región alrededor de cada fragmento y ocho métricas de mancha para caracterizar el fragmento donde se inserta cada población, además de nueve indicadores de diversidad genética. Las poblaciones mostraron valores moderados de heterocigosidad, bajos índices de fijación y baja estructuración. Los resultados indican que para plantas adultas el mayor número de alelos está relacionado con el mayor número y tamaño de las áreas forestales próximas y menor distancia entre ellas. Los mayores valores de  $H_E$  y  $f$ , están positivamente relacionados con el área núcleo de los fragmentos. Para las plantas jóvenes, el mayor número de alelos se relacionó con la mayor presencia de manchas de reforestación y cuerpos de agua. Los mayores valores de  $P$  y los menores valores de  $f$  se relacionarán a fragmentos con mayores áreas núcleo. Apoyo: FAPESC-IFF/SC, CAPES, CNPq.

## EVALUATION OF GENETIC AND FORENSIC PARAMETERS OF 16 AUTOSOMAL AND 12 X CHR STRS IN SC, BRAZIL

Torres SRR<sup>1,2</sup>, CJS Uehara<sup>1,2,3</sup>, AFS Latorre<sup>1</sup>, BS Almeida<sup>1</sup>, TS Sauerbier<sup>1,2</sup>, SJ Reis<sup>1</sup>, L Nascimento<sup>1</sup>, MP Soler<sup>4</sup>, YCN Muniz<sup>1</sup>, AR Marrero<sup>1</sup>, IR Souza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina, UFSC, Florianópolis, SC. <sup>2</sup>Instituto Geral de Perícias de Santa Catarina, Florianópolis-SC, Brazil. <sup>3</sup>Departamento de Genética da Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR, Brazil. <sup>4</sup>QIAGEN Biotecnologia, São Paulo-SP, Brazil. e-mail: saulo.jose.dos.reis@gmail.com

The genetic variability of unrelated individuals representing the population of Santa Catarina was characterized, on the basis of polymorphism for STR markers. We analyzed twelve autosomal STR loci included in the Investigator HDplex Kit<sup>®</sup> (n=106), five autosomal miniSTR loci included in the Investigator Hexaplex ESS Kit<sup>®</sup> (n=107) and twelve X-chromosomal STR markers included in the Investigator Argus X-12 Kit<sup>®</sup> n=153 (60 female and 93 male). Hardy-Weinberg equilibrium test demonstrated no significant deviation from expected values (p>0.05) for the sixteen autosomal STRs included in the Investigator HDplex<sup>TM</sup> and Hexaplex ESS Kit<sup>®</sup>, with the exception of DXS10135 and DXS1079 in the Investigator Argus X-12 Kit<sup>®</sup>. Allelic frequencies and other statistics with forensic relevancy were calculated for each STR and X-STR. Diversity values of the haplotypes were constructed using four closely linked groups and all were higher than 0.9977. High overall power of discrimination was obtained for female and male samples, and high probability of exclusion was observed in father/mother/daughter trios and father/daughter duos. A comparative analysis between data of our population and other populations is also presented. To our knowledge, this is the first Brazilian report regarding frequencies for nine of the STRs HDplex<sup>TM</sup> Kit<sup>®</sup> and four haplotypes of Investigator Argus X-12 Kit<sup>®</sup>.

## CONSUMO DE ALCOHOL Y VARIANTES GENÉTICAS DE TOLERANCIA AL ALCOHOL EN POBLACIÓN DE SANTIAGO DE CHILE

Silva Gallardo C<sup>1</sup>, S Flores Carrasco<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile. e-mail: silvagallardoc@gmail.com

Se han descrito variantes genéticas involucradas en la metabolización ineficiente (*ADH1B2\*2* y *ALDH2-2*) o eficiente del etanol (SNP6 del gen *ADH4*), las cuales otorgan al individuo menor o mayor grado de susceptibilidad al alcoholismo. A éstos se les ha denominado “fenotipos protectores” o de “riesgo-dependencia” al alcohol, respectivamente. Aquí se indaga sobre la posible correlación entre variantes genéticas de protección y riesgo-dependencia con patrones de consumo de alcohol entre individuos. Como resultado, no fue posible establecer las variantes genéticas que estarían determinando los patrones de consumo de alcohol. No obstante, tanto el alelo de riesgo como el fenotipo riesgoso para el marcador *ADH4* (rs1800759) presentan porcentajes mayores a los reportados en otras regiones de América por el proyecto 1000Genomes. Para ambos casos existe una diferencia significativa entre la frecuencia presente en ambos grupos para este alelo (p-valor=0,005) y fenotipo (p-valor=0,03), siendo mayor en la muestra de población chilena. Se puede concluir que Chile presentaría un mayor riesgo de dependencia al alcohol dado por el factor genético. Esto presentaría mayor relevancia en individuos con patrones de consumo de alcohol calificados como perjudiciales o de dependencia. Se discute la ausencia de asociación entre patrones de consumo y frecuencias genotípicas para estos loci. Además, en este estudio se identificaron nuevas categorías de consumo de alcohol no incluidas en la encuesta AUDIT.

## MESTIZAJE EN LA PATAGONIA ARGENTINA: DIVERSIDAD GENÉTICA Y POBLAMIENTO DE TRELEW (PROV. CHUBUT)

Parolin ML<sup>1</sup>, NG Basso<sup>1</sup>, SA Avena<sup>2</sup>, F Di Fabio Rocca<sup>2</sup>, CM Tedeschi<sup>3</sup>, M Regnano<sup>3</sup>, FR Carnese<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Unidad de Diversidad, Sistemática y Evolución, Laboratorio de Biología Molecular, Centro Nacional Patagónico-CONICET. <sup>2</sup>Sección Antropología Biológica, ICA, Facultad de Filosofía y Letras, UBA. <sup>3</sup>Hospital Zonal de Trelew.

e-mail: parolin@cenpat.edu.ar

Este trabajo forma parte de un proyecto general que intenta abordar el estudio de la diversidad genética y mestizaje en las poblaciones cosmopolitas de la Patagonia Argentina, con especial enfoque en el análisis de particularidades locales y regionales. En este marco se presentan los resultados obtenidos en una muestra poblacional de la localidad de Trelew (TW, n=106) a nivel de marcadores genéticos de herencia uniparental y biparental. A partir de los datos proporcionados por las secuencias mitocondriales se registró una contribución amerindia del 51%, con una prevalencia del sub-haplogrupo C1b (23%) y ausencia del linaje A. El aporte materno euroasiático fue del 48% con una mayor frecuencia de los haplogrupos H y U5b (24%) y un solo perfil presento linaje subsahariano L1c4. Mediante el análisis de 12 marcadores STRs del cromosoma Y, se asignó a un origen euroasiático el 74% de haplotipos obtenidos, con elevada frecuencia de R1b (49%). Por su parte el aporte paterno autóctono Q1a3a fue del 14% y se estimó un 2% de contribución subsahariana. A nivel de marcadores biparentales, se obtuvo un 3% del sistema Di\*A, característico en grupos nativos y solo un 1,7% de Fy\*null indicando una escasa presencia africana. Estos resultados se correlacionan con la información genealógica de los donantes, y son discutidos con los datos histórico-demográficos y con los resultados obtenidos previamente en la Región Patagónica y resto del país..

## CARACTERIZACIÓN DE LOS BOVINOS CRIOLLOS DE ARGENTINA Y BOLIVIA MEDIANTE UN PANEL DE 95 SNPS

Liron JP<sup>1</sup>, A Rogberg Muñoz<sup>1</sup>, A Loza<sup>2</sup>, ME Fernandez<sup>1</sup>, DE Goszczynski<sup>1</sup>, JA Pereira Rico<sup>2</sup>, P Peral Garcia<sup>1</sup>, G Giovambattista. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT La Plata-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Autónoma Gabriel René Moreno, Santa Cruz de la Sierra, Bolivia.

e-mail: peralgarciapilar@gmail.com

En Argentina y Bolivia, así como en la mayoría de los países de América, se conservan poblaciones de bovinos criollos, descendientes de los animales introducidos por los conquistadores durante los siglos XVI y XVII. Con el fin de caracterizar los bovinos criollos de Argentina y Bolivia se analizaron a 5 razas criollas (Criollo Argentino=20, Saavedreño=20, Yacumeño=25, Altiplano=12, Valle Grande=13), 3 taurinas europeas (Angus=28, Hereford=21, Holstein=27) y 3 cebuinas (Brangus=27, Nelore=25, Brahman=27, Gir=20) con un panel de 95 SNPs recomendado por la ISAG. Los marcadores genéticos se tipificaron mediante MALDI-TOF utilizando la plataforma Sequenom. Entre 93 y 95 SNPs resultaron polimórficos en las poblaciones bovinas criollas analizadas, mientras que la heterocigosidad promedio esperada entre 0,405 y 0,461, siendo estos valores similares a los observados en las razas taurinas europeas. El análisis de componentes principales evidenció que el PC1 diferenciaban las razas cebuinas y taurinas, y el PC2 las taurinas europeos de las americanas. La construcción de árboles mostró resultados consistentes con el PCA. Finalmente, el análisis de asignación racial evidenció que con un K4 los bovinos criollos pueden ser discriminados, y que las diferentes poblaciones criollas presentarían distintos niveles de introgresión de genes índicos y taurinos británicos. Estos resultados concuerdan con lo obtenidos para otros tipos de marcadores genéticos y confirman que los bovinos criollos son un valioso recurso zoogenético con características genéticas propias.

GPE 49

## TIPIFICACIÓN DE LA MUTACIÓN CAUSAL DE LA ENFERMEDAD DE VON WILLEBRAND TIPO 1 EN DOBERMAN

Crespi JA, LS Barrientos, DM Posik, G Giovambattista. <sup>1</sup>Genética Veterinaria (IGEVEVET), CCT La Plata-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata.  
e-mail: lsb5982@hotmail.com

La enfermedad de von Willebrand (VWD) se caracteriza por un prolongado tiempo de coagulación, debido a una baja concentración y actividad en sangre, o directamente la ausencia, del factor de coagulación von Willebrand. Se trata de la coagulopatía hereditaria de mayor frecuencia encontrada en el perro, y ha sido descrita en 54 razas, y con una alta prevalencia en Doberman. Está causada por mutaciones en el gen von Willebrand (VWF) ubicado en el cromosoma 27 canino. En Doberman, la VWD tipo 1 está determinada por una transversión G/A en la última base del exón 43 del VWF, produciendo un corrimiento en el sitio de corte y empalme y generando una proteína más corta. El objetivo del presente trabajo consistió en diseñar un método de identificación por secuenciación directa (SBT) y calcular la prevalencia de la mutación causal de VWD tipo 1. Los *primers* de amplificación y secuenciación se diseñaron mediante el programa AnnHyb. Se analizaron 10 individuos de una familia de Doberman de la provincia de Buenos Aires y una muestra de 14 individuos no relacionados mediante SBT. Las frecuencias génicas obtenidas dentro de la familia para el alelo normal (G) y para el alelo mutado (A) fueron  $p=0,5$  y  $q=0,5$ , mientras que en el grupo no relacionado las frecuencias obtenidas fueron de  $p=0,65$  y  $q=0,35$ . Estas diferencias en las frecuencias génicas no fueron estadísticamente significativas. Ambos grupos se encontraban en equilibrio de Hardy Weinberg ( $P=1$  y  $P=0,58$ ). La alta prevalencia de la mutación causal en la población local coincide con lo previamente reportado en otras regiones.





**MCTA**

COMUNICACIONES LIBRES

# **MUTAGÉNESIS, CARCINOGÉNESIS Y TERATOGENÉNESIS AMBIENTAL**



## CITO Y GENOTOXICIDAD DE PARTÍCULAS $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2$ EN CÉLULAS DE OSTEOSARCOMA HUMANO

Di Virgilio AL<sup>1,2</sup>, I Maisuls<sup>2,3</sup>, PM Arnal<sup>3</sup>. <sup>1</sup>CEQUINOR, Facultad Cs. Exactas, UNLP, La Plata, Argentina. <sup>2</sup>Cátedra Bioquímica Patológica, Facultad Cs. Exactas, UNLP, La Plata, Argentina. <sup>3</sup>Centro de Tecnología de Recursos Minerales y Cerámica (CETMIC), M.B. Gonnet, Argentina. e-mail: aldivirgilio@biol.unlp.edu.ar

El óxido de circonio ( $\text{ZrO}_2$ ) es un material con importantes aplicaciones biomédicas. La formación de partículas núcleo@cáscara (núcleo de un material y cáscara de otro) y su uso en sistemas de liberación controlada de drogas están en el foco del interés científico actual. Sin embargo, poco se sabe sobre su toxicidad. Aquí investigamos la cito y genotoxicidad de esferas  $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2$  con cáscara cristalina ( $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^c$ ) y con cáscara amorfa ( $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^a$ ) en células de osteosarcoma humano en cultivo (MG-63) expuestas a un rango de 5-100  $\mu\text{g}/\text{ml}$  por 24 h. Según microscopía electrónica de transmisión, ambos tipos de partículas cruzan la membrana celular y se alojan en vesículas en el citoplasma. La viabilidad celular (ensayo MTT) disminuyó sólo en células expuestas a 100  $\mu\text{g}/\text{ml}$  de  $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^c$  ( $p < 0,001$ ). Asimismo, los primeros efectos genotóxicos se observaron a 5  $\mu\text{g}/\text{ml}$  de  $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^c$  y 10  $\mu\text{g}/\text{ml}$  de  $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^a$  con el daño sobre el ADN celular (ensayo Cometa). Al incrementar la concentración de  $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^c$  a 25  $\mu\text{g}/\text{ml}$  y de  $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^a$  a 50  $\mu\text{g}/\text{ml}$  se produjo un aumento de la frecuencia de micronúcleos ( $p < 0,05$ ). Por otro lado, ambos tipos de partículas provocaron a partir de 50  $\mu\text{g}/\text{ml}$  una disminución de la relación GSH/GSSG ( $p < 0,001$ ), pero sólo  $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^c$  a 100  $\mu\text{g}/\text{ml}$  produjo un aumento significativo de las especies reactivas de oxígeno ( $p < 0,01$ ). Pudo concluirse que sólo  $\text{SiO}_2@\text{ZrO}_2^c$  reduce la viabilidad celular asociada a un aumento en estrés oxidativo, sin embargo ambos materiales causan daño en el ADN indicando una cito y genotoxicidad dependiente del ordenamiento atómico en la cáscara.

## EVALUACIÓN MUTAGÉNICA Y GENOTÓXICA DE COLORANTES DE CABELLO EN CULTIVO DE CÉLULAS DE HEPG2

Tafurt-Cardona Y, P Soares-Rocha, TCC Fernandes, MA Marin-Morales. Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", câmpus de Río Claro, SP. e-mail: yalianat@hotmail.com

Según la Agencia Internacional para la Investigación en Cáncer (IARC), algunos colorantes de cabello y muchas de las sustancias químicas utilizadas en este proceso, son consideradas mutagénicas y carcinogénicas en ensayos *in vitro* y poblaciones expuestas. El objetivo de este trabajo fue evaluar la actividad mutagénica y genotóxica de dos colorantes usados en la composición de tintes de cabello negro, por medio del ensayo de micronúcleos (MN) y cometa en células de hepatoma humano (HepG2). Fue realizado el ensayo de citotoxicidad por MTT y seleccionadas las concentraciones empleadas en los ensayos de MN y cometa, para los colorantes Arianor Sienna Brown ( $1,56 \times 10^{-5}$  g/ml;  $7,8 \times 10^{-6}$  g/ml;  $3,9 \times 10^{-6}$  g/ml) y Cherry Red ( $2 \times 10^{-6}$  g/ml;  $2 \times 10^{-7}$  g/ml;  $2 \times 10^{-8}$  g/ml). Las medias y las unidades arbitrarias de cada tratamiento fueron sometidas al test estadístico ANOVA ( $p < 0,05$ ). Los resultados obtenidos tanto para el ensayo de MN como cometa, indican que los colorantes estudiados inducen una frecuencia significativa de alteraciones para todas las concentraciones con respecto al control negativo. Así, podemos inferir que dichos colorantes inducen daños al material genético y causan inestabilidad genómica. Los colorantes estudiados poseen un potencial mutagénico y genotóxico para células de HepG2 (ensayo *in vitro*), lo cual puede estar relacionado a la acción de la estructura AZO presente en su composición, que ha demostrado ser mutagénica y cancerígena. Agradecimientos: Edital PAEDEX/AUIP/2011

## COMPLEJOS DE Cu(II) COMO POTENCIALES ANTITUMORALES. CITO- Y GENOTOXICIDAD EN OSTEÓBLASTOS EN CULTIVO

Cadavid JF<sup>1</sup>, IE León<sup>1</sup>, SB Echeverry<sup>1</sup>, E Santi<sup>2</sup>, MH Torre<sup>2</sup>, AL Di Virgilio<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, Argentina. <sup>2</sup>Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

e-mail: analauradivirgilio@hotmail.com

Muchos fármacos usados en el tratamiento de diferentes patologías son compuestos orgánicos coordinados con metales. En particular, compuestos de coordinación con cobre han mostrado interesantes propiedades antitumorales. Los efectos cito y genotóxicos de dos complejos de Cu(II) con sacarinato y glutamina [Cu(Sac)<sub>2</sub>(H<sub>2</sub>O)<sub>4</sub>].2H<sub>2</sub>O (Cu-sac) y [Na<sub>2</sub>Cu(Sac)<sub>2</sub>(Gln)<sub>2</sub>].1.5H<sub>2</sub>O (Cu-sac-gln) fueron estudiados en osteoblastos en cultivo. Ambos complejos inhibieron la viabilidad en células de osteosarcoma humano (MG-63) con mayor potencia que en osteoblastos de fenotipo normal (MC3T3-E1). Sin embargo, el complejo con glutamina produjo un efecto significativo a partir de 150 µM mientras que Cu-sac causó inhibición a partir de 250 µM (p<0,01). Asimismo, el ensayo de Rojo Neutro demostró que ambos complejos ejercen un efecto citotóxico significativo a partir 500 µM (p<0,001). No obstante, en el ensayo MTT se observó que los complejos Cu-sac y Cu-sac-gln produjeron un daño citotóxico a partir de 500 µM y 100 µM respectivamente (p<0,001). Por otro lado, se investigó la genotoxicidad mediante la frecuencia de micronúcleos y por el ensayo Cometa. Ensayos preliminares revelaron un aumento significativo de las rupturas de simple y doble hebra del ADN. Paralelamente se observó un aumento significativo en los niveles de especies reactivas de oxígeno (evaluado por la oxidación de dihidrorodamina 123) a partir de 100 µM (p<0,05). Estos estudios permiten concluir que ambos complejos de Cu(II) ejercen efectos cito y genotóxicos en células tumorales en cultivo mediados por un incremento del estrés oxidativo.

## CONTAMINANTES PRIORITARIOS EN EL AIRE DE VILLA DEL ROSARIO-NORTE DE SANTANDER Y SU EFECTO GENOTÓXICO

Quijano Parra A<sup>1,2</sup>, J Quijano Vargas<sup>1</sup>, I. Meléndez Gélvez<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Química. Universidad de Pamplona, Colombia. <sup>2</sup>Grupo de Investigación en Biología Molecular. Universidad de Pamplona, Colombia.

e-mail: imgelvez@unipamplona.edu.co

Las partículas en suspensión se componen de mezclas químicas complejas, que pueden contener mutágenos y carcinógenos como hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP). La inhalación de partículas en suspensión (PM<sub>2,5</sub>) causa enfermedades respiratorias, cardíacas y pulmonares. Los HAP son considerados como la principal causa de la acción mutagénica indirecta de las partículas en suspensión. Estos HAP se forman principalmente a través de un proceso de combustión incompleta de los combustibles fósiles. La materia orgánica de los filtros de PM 2.5 se extrajo inicialmente con diclorometano obteniéndose un extracto global. Este se separó en tres fracciones por cromatografía en columna. La identificación en los extractos de los 16 HAP considerados como contaminantes prioritarios se determinó por cromatografía de gases (CG). Los efectos genotóxicos de los extractos de los filtros fueron evaluados con el ensayo cometa. Se encontró actividad genotóxica asociada con el aire recogido cerca de una avenida muy concurrida de Villa del Rosario- Norte de Santander -Colombia. A través de los análisis logramos identificar los HAP: benzo(a)pireno, benzo(a)antraceno, criseno, benzo(b)fluoranteno, benzo(k)fluoranteno y dibenzo(a,h)antraceno. Los HAP identificados en el material particulado PM<sub>2,5</sub> para la ciudad de Villa del Rosario, se encuentran en el grupo de contaminantes cuyo estudio debe ser monitoreado permanentemente por su peligrosidad mutagénica y genotóxica.

## MCTA 5

**EVALUACIÓN DEL RANGO FISIOLÓGICO DE ZINC EN NIÑOS. INESTABILIDAD ASOCIADA A SU DEFICIENCIA Y EXCESO**

Padula G<sup>1,2</sup>, MV Ponzinibbio<sup>2</sup>, AI Seoane<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata-CONICET.  
e-mail: giselpadula@yahoo.com.ar

El Zinc (Zn) juega un papel vital en el crecimiento de los niños y participa en la síntesis y manutención del ADN. Las actuales recomendaciones de ingesta de este nutriente no tienen en cuenta los niveles requeridos para el mantenimiento de la estabilidad genómica. El objetivo del trabajo es analizar el efecto de la suplementación *in vitro* con Zn, con el propósito de evaluar el rango fisiológico normal recomendado para niños (80-280 ug/dl), así como la deficiencia y el exceso. Para lograr la deficiencia de Zn, el medio HAMF12 (HF12) fue quelado (HF12Q). Los linfocitos fueron aislados de donantes sanos y cultivados durante 5 días en 6 frascos: 1-Control (HF12: 60 ug/dl So4Zn); 2-Deficiente (HF12Q); 3-80 Zn (HF12Q + 80 ug/dl So4Zn); 4-180 (HF12Q + 180 ug/dl So4Zn); 5-280 (HF12Q + 280 ug/dl So4Zn); 6-380 (HF12Q + 380 ug/dl So4Zn). Se utilizaron los ensayos de Micronúcleo y Cometa Cualitativo. Las diferencias fueron evaluadas con 2 ( $p < 0,05$ ). La frecuencia de micronúcleos (MNi) fue significativamente mayor en los grupos Deficiente, 280 y 380, respecto de los grupos Control, 80 y 180, los cuales presentaron frecuencias similares. La frecuencia de MNi del grupo 380 fue significativamente superior a la observada en los grupos 280 y Deficiente. El Índice de Daño, resultó significativamente más alto en el grupo Deficiente respecto de todos los demás. Solo la dosis de 380 presentó frecuencias significativamente aumentadas en relación a los grupos Control, 80, 180 y 280. Tanto la deficiencia de Zn como el exceso provocan un aumento de la inestabilidad genómica.

## MCTA 6

**ESTUDIO COMPARATIVO DE BIOMARCADORES DE GENOTOXICIDAD POR AFLATOXINA B1 EN UNA POBLACIÓN PORCINA**

Wittouck P<sup>1</sup>, F Ronchi<sup>1</sup>, A Bonvillani<sup>1</sup>, L Cabrera<sup>1</sup>, S Watson<sup>1</sup>, MI Ortiz<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Fac. de Agronomía y Veterinaria, UNRC. <sup>2</sup>Fac. Cs. Ex., Fco-Qca y Naturales, Dpto. de Cs. Naturales, UNRC.  
e-mail: pwittouck@ayv.unrc.edu.ar

La aflatoxina B1 (AFB1) es una micotoxina con efecto genotóxico. Su presencia se relaciona con la contaminación de las raciones porcinas. El objetivo de este trabajo es evaluar si el conteo de aberraciones cromosómicas (AC) y de micronúcleos (MN) en células binucleadas (BN) serían "biomarcadores" alternativos a la cuantificación de Aductos por HPLC para monitorear el impacto de la AFB1 en la higiene ambiental de la cría porcina. Se evaluó 4 grupos (5 animales c/u) de cerdos Landrace x Yorkshire. Los Grupos I, II y III se alimentaron durante 15 días con: 20, 40 y 50 ppb de AFB1, respectivamente. El Grupo IV, control, recibió dieta normal. Se realizó cultivo de linfocitos de sangre periférica en medio RPMI 1640. En los Grupos I y II, se analizó la frecuencia de células con AC y en el Grupo III, el número de MN en células BN. El grupo IV no mostró niveles significativos de AC ni MN en células BN. El análisis comparativo (Test de Análisis de Variancia Bivariante) del grupo control con los grupos tratados mostró un incremento significativo de las frecuencias de células con AC ( $p < 0,01$ ) dependiente de la dosis y la presencia de MN en Células BN ( $p < 0,05$ ). Los grupos II y III mostraron además signos clínicos de aflatoxicosis y una disminución de la ganancia de peso ( $p < 0,01$ ). Cabe destacar que la AFB1 incrementó el daño cromosómico, aún a la dosis permitida por la FAO. Los biomarcadores utilizados en esta experiencia podrían ser una importante herramienta alternativa de monitoreo ambiental en poblaciones porcinas por ser técnicas simples, económicas y altamente sensibles.

## ACTIVIDAD GENOTÓXICA INDUCIDA POR EXTRACTOS DE FRESAS CULTIVADAS EN PAMPLONA, COLOMBIA

Pabuena Arévalo DE<sup>1</sup>, E Pardo Pérez<sup>2</sup>, I Meléndez Gélvez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Biología Molecular, Universidad de Pamplona, Colombia. <sup>2</sup>Sección de Genética Departamento de Biología, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia.

e-mail: dparevalo89@gmail.com

Muchos pesticidas han sido clasificados como cancerígenos según la Agencia Internacional para la Investigación sobre el cáncer, ya que su principal efecto es inducir daño estructural o funcional en el material genético. Los agricultores en su afán de erradicar las plagas de los cultivos exceden la cantidad sugerida, esto hace que queden residuos en partes de la planta. El objetivo fue evaluar los posibles efectos sobre el ADN en linfocitos humanos expuestos a extractos de fresas sometidas a diferentes tipos de fumigación. Se ensayaron dos extractos productos de dos muestreos en un cultivo de fresas fumigada con diferentes tipos de pesticidas y un extracto orgánico (sin pesticidas). Para evaluar la actividad genotóxica se utilizó el ensayo cometa, la toxicidad se determinó mediante la prueba exclusión con azul de tripano. La viabilidad superó el 80%; lo que garantiza que el daño celular es producto de los compuestos presentes en los extractos. Los resultados del ensayo cometa indicaron que existe un efecto genotóxico dependiente de la dosis para los extractos 1 y 2 con un  $P < 0,05$  según la prueba Tukey. El extracto orgánico comparado con el control negativo no mostró diferencias significativas con un  $P > 0,05$ . Los resultados obtenidos confirman la presencia de compuestos en extractos de fresas fumigados con pesticidas que inducen lesiones primarias en el ADN de linfocitos humanos. Dado que la fresa es un producto de alto consumo en nuestra región, el consumo de ésta podría convertirse en un factor de riesgo para la población.

## EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE UN HERBICIDA A BASE DE GLIFOSATO EN ERITROCITOS DE *Piaractus mesopotamicus*

Leveroni FA, MC Pastori, JD Caffetti. Laboratorio de Citogenética Gral., Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. UNaM-IBS-CONICET.

e-mail: flaviaa.leveroni@gmail.com

Mundialmente se reconoce el uso de plaguicidas a fines de incrementar la producción agrícola. En el ambiente acuático, los herbicidas son los más peligrosos ya que a través del suelo pueden escurrirse hacia los ríos. En Misiones se emplean herbicidas a base de glifosato en cultivos de tabaco, siendo *Roundup* la fórmula de preferencia. Si bien se demostró que dicho compuesto es más tóxico que el glifosato puro, poco se sabe sobre sus efectos en peces. En este trabajo, se evaluó la genotoxicidad de *Roundup* mediante los ensayos Cometa, Micronúcleos (MN) y Anomalías nucleares (AN) en eritrocitos de *Piaractus mesopotamicus*. Para ello, ejemplares de dos criaderos se mantuvieron en condiciones de detoxificación. Posteriormente, fueron expuestos 96 horas a 2,75 mg/L de *Roundup*. Simultáneamente, se realizó un control negativo y otro positivo con Etilmetanosulfonato. Para evaluar el daño genotóxico se aplicaron los ensayos cometa, MN y AN. Los resultados obtenidos se analizaron estadísticamente mediante el test de Kruskal-Wallis. Los eritrocitos tratados con *Roundup* presentaron frecuencias significativamente elevadas de MN y AN ( $p < 0,01$ ) respecto al control negativo. Además, los diversos tamaños de micronúcleos evidenciaron daños clastogénicos y aneugénicos. También se encontraron índices de daño significativamente elevados ( $p < 0,05$ ) para *Roundup* con el ensayo cometa. Estos resultados coinciden con lo observado por varios autores en otros peces, demostrando nuevamente que fórmulas herbicidas como ésta pueden inducir genotoxicidad en organismos que no son blancos de dichos tratamientos.

## EVALUACIÓN DEL DAÑO GENÉTICO EN PERSONAL DE LABORATORIOS OCUPACIONALMENTE EXPUESTOS

Barra Andrade L, S Duk Palacios, C Márquez Urrizola, B Inzunza Melo.

<sup>1</sup>Universidad de Concepción, Laboratorio de Genética Toxicológica y Citogenética. Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas.

e-mail: lbarra@udec.cl

En Chile son pocos los estudios que existen en la población humana para determinar daño genético, por lo que no se sabe que riesgos pueden presentar aquellas personas que trabajan en laboratorios expuestos a agentes físico-químicos. Esta investigación se plantea la hipótesis que el personal de laboratorio expuesto a agentes químicos y físicos en su lugar de trabajo presenta daño genético, por lo que se propuso como objetivo determinar este daño a través del ensayo de micronúcleos (MN). Para esto se tomaron muestras de sangre venosa a 7 trabajadores de laboratorios que se encontraban expuestos a sustancias como químicos orgánicos, inorgánicos, radiación o metales pesados. Se consideraron como controles a personas que no tenían ninguna exposición a estos agentes. Se contabilizaron un total de 2000 células por persona y se determinó el número de células binucleadas con MN (BNMN) y el total de MN en células binucleadas (MN total). Los resultados del Mann-Whitney U-test muestran diferencias significativas de MN entre el grupo control y el expuesto ( $p=0,02$ ) con una media de 18,14 BNMN para los expuestos y 5,85 para los controles. Respecto a los factores de riesgo edad y hábitos de vida no presentan diferencias significativas entre ambos grupos por lo cual no fueron un factor determinante en la cantidad de MN. Estos resultados preliminares indicarían que la utilización y manipulación de sustancias químicas o radiactivas a la cual se exponen los trabajadores en sus distintas áreas de trabajo podrían ser la principal causa del aumento de MN.

## ADAPTACIÓN DEL ENSAYO MICRONÚCLEOS CITOMA BUCAL PARA APLICARLO EN BOVINOS

Ferré DM<sup>1,3</sup>, R Carracedo<sup>1</sup>, V Lentini<sup>1</sup>, M Gonzalez<sup>2</sup>, R Ludueña<sup>2</sup>, NB Gorla<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción, Universidad Juan Agustín Maza (UMaza), Mendoza. <sup>2</sup>Producción Bovina, Facultad de Ciencias Veterinarias y Ambientales, UMaza. <sup>3</sup>CONICET.

e-mail: dferre@mendoza-conicet.gob.ar

Los herbívoros son buenos bioindicadores ambientales debido a que son sensibles a los contaminantes y acumulan xenobióticos. En Salud Pública es importante cuantificar la exposición a genotóxicos de animales productores de alimentos destinados al consumo humano. El objetivo de este estudio fue adaptar el ensayo de micronúcleos (MN) citoma bucal, validado en humanos, para aplicarlo en bovinos, identificando el tipo y frecuencia de anomalías nucleares, según la fotogalería de núcleos anormales reportada en la bibliografía. Se obtuvieron células de epitelio bucal de 10 bovinos hembras mestizas, peso promedio 320 kg, de La Paz (Mendoza) mantenidas con alimento balanceado, alfalfa y agua de pozo, buen estado de salud y sin tratamiento sanitario en los 5 meses previos. Después de realizar la fijación Carnoy y la coloración con Giemsa de las muestras, se analizaron 2000 células por animal. Cada 1000 células analizadas, la frecuencia media  $\pm$  error estándar de células micronucleadas fue  $0,4 \pm 0,2$ , células binucleadas  $1,2 \pm 0,4$ , brotes nucleares  $0,3 \pm 0,1$ , puentes nucleoplásmicos  $0,1 \pm 0,1$ . Se destaca la frecuencia de células cariolíticas  $32,2 \pm 7,2$ , células condensadas  $22,3 \pm 4,7$ , células cariorréxicas  $14,5 \pm 6,2$ , células picnóticas  $4,8 \pm 1,2$  y la presencia de un tipo celular con núcleos lobulados ( $0,15 \pm 0,07$ ), categoría que no está presente en el ensayo de MN citoma bucal humano. Se destaca la alta frecuencia de células indicadoras de apoptosis, útiles para evaluar daño genético. Afirmamos que es posible realizar este ensayo en bovinos. No se han encontrado reportes bibliográficos previos en esta especie.

## MICRONUCLEUS TEST AND COMET ASSAY IN ERYTHROCYTES OF *Oreochromis niloticus* EXPOSED TO IMIDACLOPRID

Ansoar Rodríguez Y<sup>1</sup>, CA Christofolletti<sup>2</sup>, AC de Castro Marcató<sup>1</sup>, J Evangelista Correia<sup>1</sup>, O Correa Bueno<sup>3</sup>, O Malaspina<sup>3</sup>, CS Fontanetti<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Laboratório de Mutagênese Ambiental, Instituto de Biociências, Câmpus de Rio Claro, UNESP. Rio Claro-São Paulo, Brazil. <sup>2</sup>Fundação Hermínio Ometto, UNIARARAS. Araras-São Paulo, Brazil. <sup>3</sup>Centro de Estudos de Insetos Sociais (CEIS), UNESP. Rio Claro-São Paulo, Brazil.  
 e-mail: yansoar@gmail.com

The indiscriminate use of pesticides has become a serious environmental concern. Among them, the insecticide imidacloprid (IMI) is one of the most used worldwide. During 2010, in Brazil, 1.934 tons of imidacloprid were sold, mostly to be used in sugarcane crops. Several studies have examined the toxicity of IMI, as well as its possible ecological effects. However, few studies have examined toxicity at the genetic level. This is one of the biggest challenges for the scientific community concerned about the impact of contaminants on the environment and human health. In this study we evaluated the effect of IMI on the genetic material of *Oreochromis niloticus* erythrocytes, exposed to different concentrations of the insecticide by using comet assay and micronucleus test. Our results demonstrated that the concentrations tested in comet assay induced primary damage to the DNA by increasing the frequency of strand breaks and alkali labile sites. We also proved the occurrence of nuclear abnormalities at the higher concentration used in the micronuclei assay. However, frequency of micronuclei does not increase at any of the concentrations tested. Therefore, imidacloprid induces primary DNA damage in the concentrations tested but no damage at the chromosome level.

## ANTITUMORAL AND MUTAGENIC ACTIVITIES OF THE RUTHENIUM(II) HETEROLEPTIC COMPLEX CIS-[ RuCl<sub>2</sub> (DPPB)(BIPY)]

De Grandis RA<sup>1</sup>, FA Resende<sup>1</sup>, EO Lopes<sup>1</sup>, FR Pavan<sup>1</sup>, MM Silva<sup>2</sup>, AA Batista<sup>2</sup>, EA Varanda<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Araraquara, UNESP, Brasil. <sup>2</sup>Universidade Federal de São Carlos, Departamento de Química Inorgânica, UFSCAR, Brasil.  
 e-mail: degrandis.rone@fcar.unesp.br

It is possible to develop anti-cancer drugs by analyzing compounds using tumor cell lines and their ability to cause DNA damage. In view of the anti-tumor activity of metal complexes, the aim of this study was to investigate the cytotoxic and mutagenic activity of Ru(II) complex cis-[RuCl<sub>2</sub> (dppb)(bipy)] (SCAR6). Cytotoxicity was determined by resazurin test with human tumor cell lines of liver, breast and prostate. The Ames test was performed in strains TA98, TA1535, TA97a, TA100 and TA102 of *Salmonella typhimurium*, as indicators of DNA damage in the absence (-S9) and presence (+S9) of metabolic activation. The micronucleus assay (MN) was performed to evaluate the chromosomal genetic damage. The selectivity of tumor lines showed that the complex has selectivity for breast tumor cell lines (IS 18.5) and lower for liver (IS 9.1) and prostate (IS 8.9). The Ames test showed that the mutants did not increase in the absence of S9, but in the presence of S9 in strains TA97 showed mutagenicity. In the MN test, no mutation was identified in the cell lines used. Therefore, the SCAR6 complex showed selective toxicity for breast tumor cells. The mechanism induced *frameshift* mutation upon addition of S9. However, the mutagenic effect was not observed in the MN test. These results demonstrate the importance of analyzing the biological activities of inorganic compounds and confirm that this is a way for the development of anti-cancer drugs.

## MCTA 13

**INTER-RELACIÓN FUNCIONAL ENTRE DNA-PKCS Y ATM FRENTE AL DAÑO INDUCIDO POR ETOPÓSIDO EN LA FASE G<sub>2</sub>**

Palmitelli M, M de Campos Nebel, M González Cid. Laboratorio de Mutagénesis, Instituto de Medicina Experimental. CONICET-Academia Nacional de Medicina. Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

e-mail: micaela.palmitelli@hotmail.com

Las proteínas-quininas DNA-PKcs y ATM protegen la integridad genómica frente a las rupturas de doble cadena (RDC). Etopósido (ETO), droga antitumoral, estabiliza los complejos ADN-topoisomerasa II generando RDC persistentes. Se evaluó el rol de DNA-PKcs y ATM en reparar las RDC inducidas por ETO en G<sub>2</sub>. La línea celular humana HeLa deficiente en ATM (ATM<sup>kd</sup>) y su control no-silenciante (NS) se obtuvieron utilizando secuencias shRNAmir y evaluaron por qRT-PCR y expresión proteica. Las células se trataron con ETO 2 µg/ml en presencia o no del inhibidor químico de DNA-PKcs, NU7026 (10µM). En ambas líneas celulares, las rupturas e intercambios cromatídicos por metafase aumentaron en relación a sus controles respectivos. El tratamiento con NU7026-ETO en células ATM<sup>kd</sup> duplicó el valor de rupturas cromatídicas inducidas en NS. En cambio, las figuras de intercambio cromatídico se mantuvieron al mismo nivel en ambas líneas celulares tratadas con ETO, con una frecuencia aumentada en NU7026-ETO. Este efecto fue acompañado de una reducción marcada de células mitóticas evaluadas por inmunomarcación (pSer10H3). Se analizaron las RDC (pSer139H2AX) persistentes en los núcleos principales de células binucleadas en G<sub>1</sub> posmitótico. El 26,8% de las células ATM<sup>kd</sup> mostró >20focos γH2AX luego del tratamiento con ETO y ese valor fue del 21,7% en NS luego de NU7026-ETO. En ausencia de ambas actividades proteicas, el 48,2% presentó >20focos γH2AX. Estos resultados indicaron que DNA-PKcs y ATM cumplen funciones complementarias para asegurar una completa y correcta reparación de las RDC inducidas por ETO.

## MCTA 14

**ECOTOXICOLOGICAL POTENTIAL OF A RIVER UNDER THE INFLUENCE OF PETROLEUM AND TEXTILE INDUSTRIES**

Suares-Rocha P, Y Tafurt-Cardona, TCC Fernandes, DF Angelis, MA Marin-Morales. 'Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho" -UNESP, Rio Claro, SP, Brazil.

e-mail: psuaresrocha@yahoo.com

The Piracicaba River rises from the confluence of the Jaguarí and Atibaia rivers, in Americana (SP), considered an important industrial pole of Brazil, which concentrate an estimated population of more than 200.000 inhabitants. From the beginning of its course, the Piracicaba River presents contamination problems, related to several anthropogenic activities developed in the region (disposal of domestic, industrial and agricultural effluents). Thus, this work was aimed at assessing the ecotoxicological potential of water and sediment samples from Piracicaba River, in a region under the influence of a petroleum refinery and textile industries. Cytotoxic, genotoxic and mutagenic potentials of these samples were assessed by means of Neutral Red, Comet assay and Micronucleus test, respectively, performed with permanent fish cells RTL-W1. Moreover, water quality was also evaluated by means of *Allium cepa* test, in order to assess cytotoxic, genotoxic and mutagenic potentials of these samples in plants. Results demonstrated that, for RTL-W1 cells, despite low cytotoxicity for water samples, high genotoxic and mutagenic potentials were recorded for both, sediment and water samples. Water sample inhibited the germination of *A. cepa*, demonstrating a high cytotoxic potential, but precluding results on the genotoxic and mutagenic potentials. Thus, further experiments must be performed with diluted samples. Since this pollution is certainly not restrict to this area, the study of the surroundings areas (including related tributaries) is required.

## EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DE LA PIOGLITAZONA EN LINFOCITOS HUMANOS IN VITRO

Morais JF<sup>1</sup>, JR Sant'Anna<sup>1</sup>, PCF Mathias<sup>2</sup>, CCS Franco<sup>3</sup>, TS Pereira<sup>1</sup>, MAA Castro-Prado<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Genética de Micro-organismos e Mutagênese. <sup>2</sup>Laboratório de Biologia Celular e Secreção, Universidade Estadual de Maringá, Paraná (Brasil).

e-mail: janicellemorais@hotmail.com

Pioglitazona (PTZ) es un hipoglucemiante oral utilizado en el tratamiento de la diabetes mellitus tipo 2, actuando como un agonista del receptor nuclear  $\gamma$  activado por un proliferador de peroxisoma (PPAR $\gamma$ ). Trabajos recientes sugieren que algunos ligantes del PPAR $\gamma$  podrían ser utilizados en el tratamiento de neoplasias. El presente estudio tuvo como objetivo investigar los potenciales citotóxicos y mutagénicos de la PTZ, utilizándose el índice mitótico (IM) y el ensayo de micronúcleos con bloqueo de citocinesis (Mnvit), respectivamente, en linfocitos humanos. PTZ, en las concentraciones de 324  $\mu$ M y 972  $\mu$ M, produjeron reducción significativa en el valor de IM, así que solamente las concentraciones de 4  $\mu$ M (concentración plasmática), 12  $\mu$ M, 36  $\mu$ M y 108  $\mu$ M de PTZ fueron sometidas a la prueba Mnvit. PTZ, en la concentración de 108  $\mu$ M, indujo aumento significativo en la frecuencia de micronúcleos, en relación al control negativo. Teniendo en cuenta el potencial mutagénico de PTZ, demostrado en este estudio, y que la prueba Mnvit es un biomarcador de daño cromosómico, la utilización del PTZ como agente antineoplásico debe ser mejor evaluada, ya que este hipoglucemiante podrá actuar como inductor de tumores malignos secundarios en pacientes con cáncer. Financiado por la CAPES.

## EVALUATION OF THE CYTOTOXIC AND MUTAGENIC POTENTIALS OF TWO INSECTIDES BY MEANS OF MICRONUCLEUS TEST

Fernandes TCC, MA Marin-Morales. Universidade Estadual Paulista-UNESP/Rio Claro, Brasil, Departamento de Biologia, Laboratório de Mutagênese.

e-mail: tccfbio@rc.unesp.br

Chemical pest control has reduced the incidence of illness and increased agricultural production. However, these chemicals can remain active in the environment, affecting ecosystems. The effects of these agents on organisms can promote several changes, including cellular and DNA damage. The aim of this study was to evaluate the mutagenic potential of the insecticides Standak and Thiamethoxam, by means of Micronucleus test (MN), using HTC cell culture. Prior MN test, a cytotoxic investigation was performed, by means of MTT assay, in order to define the four highest concentrations, from field concentration, where cell viability should be greater than 80%. The concentrations set for Standak were: 0.25 g/L; 0.025 g/L; 0.0025 g/L; 0.00025 g/L; and for Thiamethoxam: 750  $\mu$ g/mL; 375  $\mu$ g/mL; 187.5 mg/mL; 93.75 mg/mL. Results showed that, despite the highest tested concentrations did not induce significant cell mortality (assessed with MTT assay), they made cells more vulnerable to the action of the reagents, promoting fragmentation after exposure to Cytochalasin B. For this reason, mutagenicity could not be assessed. No mutagenic effect was recorded for cells exposed to the remaining tested concentrations. Despite these negative results, it is important to consider the toxic action of the insecticides, specially the Standak, in non-target organisms cells, which can serve as an alert to the possibility of the hazard to the health of workers exposed to those chemicals during application of these products.

MCTA 17

## GENOTOXIC POTENTIAL OF CHEMICALLY TREATED VINASSE USING *Oreochromis niloticus* AS TEST ORGANISM

Correia JE<sup>1</sup>, CA Christofoletti<sup>2</sup>, Y Ansoar Rodríguez<sup>1</sup>, TA Guedes<sup>1</sup>, ACC Marcato<sup>1</sup>, N Riguetto Neto<sup>1</sup>, CS Fontanetti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Mutagênese Ambiental, Instituto de Biociências, Câmpus de Rio Claro, UNESP, Rio Claro, São Paulo, Brazil. <sup>2</sup>Fundação Herminio Ometto, UNIARARAS, Araras, São Paulo, Brazil.

e-mail: jorgecorreia@hotmail.com

The sugarcane is one of a major monocultures in Brazil, having a strong impact on the economy and the environment. The vinasse is a major waste generated in the processing of sugar cane into ethanol; due to its large amount of organic matter, this residue is widely used as a fertilizer in cultivation of cane sugar. However, by their physicochemical characteristics such as acid pH, high BOD, this residue has high pollution potential. Thus, the present study examined the genotoxic potential of cane sugar vinasse chemically treated with lime (CaO) to increase the pH, using the comet assay in fish (*Oreochromis niloticus*). After adjustment of vinasse to a neutral pH (pH=7), the fish were exposed to different dilutions of vinasse in water; the negative control was done in clean water and in the positive cyclophosphamide was injected. The bioassay was carried out in reply. Data were statistically analyzed by the methods Shapiro-Wilk test and ANOVA. The scores of damage and the values of comets class 3 were statistically significant compared to the negative control for all concentrations of treated vinasse, proving its genotoxic effect even after pH correction. Probably the presence of heavy metals are responsible for the toxic effect of this residue.

MCTA 18

## EVALUACIÓN DEL POTENCIAL MUTAGÉNICO DE DIAMINA PUTRESCINA MEDIANTE EL ENSAYO DE MICRÓNÚCLEOS

Campos-Pereira FD<sup>1</sup>, LC Gonçalves<sup>2</sup>, R Vaz Hara<sup>1</sup>, L Souza Franco<sup>2</sup>, RF Curtolo<sup>2</sup>, GA Alves<sup>2</sup>, GDC Severi-Aguiar<sup>2</sup>, MA Marin-Morales<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Mutagênese Ambiental (LMA), Universidade Estadual Paulista, UNESP, Rio Claro, São Paulo, Brazil. <sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Biomédicas, Fundação Herminio Ometto, UNIARARAS, Araras, São Paulo, Brazil.

e-mail: franko\_mg@hotmail.com

Los cementerios se han convertido en una de las principales fuentes de contaminación de aguas subterráneas debido a la lixiviación por putrefacción cadavérica de un líquido llamado necrochurume. Este compuesto es eliminado durante el primer año posterior a la inhumación, el cual es rico en diversos productos químicos, entre ellos la diamina putrescina (C<sub>4</sub>H<sub>12</sub>N<sub>2</sub>). Distintos estudios han indicado que la exposición a esta sustancia química esta asociada a riesgos para la salud humana. El potencial genotóxico de la putrescina fue evaluado mediante la prueba de micronúcleos (MN) en médula ósea de ratas Wistar. Utilizando un control negativo (Co- agua destilada), control positivo (Cp- metilmetanossulfonato-MMS, 20 mg/Kg); grupo 1 (T1- 231,5 mg/kg); grupo 2 (T2- 138,9 mg/kg) y grupo 3 (T3- 46,3 mg/kg). Se registraron por animal 2000 eritrocitos policromáticos (EPCs) con el fin de cuantificar MN. Los datos fueron sometidos al test estadístico ANOVA (p<0,05). Los resultados obtenidos muestran diferencias significativas entre los grupos tratados T2 y T3 con respecto al control negativo (Co- 47,3 ± 7,76; Cp- 86,7 ± 5,74; T1- 54 ± 4,20; T2- 69,1 ± 10,97; T3- 74,5 ± 3,60). Estos datos indican el potencial mutagénico y por tanto genotóxico de esta diamina, por lo cual es importante realizar estudios con este compuesto y conocer sus mecanismos de acción con el fin de minimizar riesgos de los individuos expuestos, ya que una vez liberada la putrescina en el medio ambiente es capaz de inducir daño en el ADN. Financiado: FAPESP, FHO.

## EVALUATION OF TWO NEW PESTICIDES TOXICITY

Souza RB<sup>1</sup>, CA Christofolletti<sup>2</sup>, CP Souza<sup>1</sup>, JP Fernandes<sup>3</sup>, RM Carlo<sup>3</sup>, OC Bueno<sup>1</sup>, CS Fontanetti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Department of Biology, Bioscience Institute, UNESP, São Paulo State University, Rio Claro, SP, Brazil. <sup>2</sup>UNIARARAS - Centro Universitário Hermínio Ometto, Araras, SP, Brazil. <sup>3</sup>Department of Chemistry, UFSCar, Federal University of São Carlos, SP, Brazil.  
e-mail: raphaelbaston@hotmail.com

Once Brazilian researchers are aware of the problems caused by the continued use of pesticides, they have developed two new products against *Atta*, popularly known as leaf-cutter ants. These new substances can replace pesticide sulfluramid, banned in many countries. They are made up of a natural product linked to metal complexes, whose formulas are (1)  $Mg_4[Mg(5-Cl-phen)(hesperetin)(H_2O)_2](CH_3COO)$  and (2)  $Mg_6[Mg(5-methyl-phen)(hesperetin)(H_2O)_2](CH_3COO)$ . In order to avoid ecotoxicological effects, genetic toxicology can be used for assessment of the toxicity of pesticides, where possible genotoxic and mutagenic effects are investigated. In this study, *Allium cepa* (onion) was used as test organism to assess possible damage to their genetic material caused by the products. Onion seeds were exposed in Petri dishes to soil containing three product concentrations (0.5, 1.0, 2.0 mg/L), to control soil and positive controls (metilmetanosulfonato and trifluralin). The results were analyzed by Kruskal-Wallis statistical test. According to the results, the product (1) was genotoxic only at 2.0 mg/L concentration and mutagenic only at 0.5 mg/L concentration. The product (2) showed no genotoxicity and mutagenicity in any of the tested concentrations. Therefore, compared to the product (1), product (2) can be considered more secure in an ecotoxicological point of view. Financial Support: FAPESP (2012/12019-5) (Brazil)

## ABERRACIONES CROMOSÓMICAS EN TRABAJADORES RURALES DE LA PROVINCIA DE JUJUY EXPUESTOS A PLAGUICIDAS

Suarez Mendoza ES<sup>1</sup>, GE Sadir Bianco<sup>1</sup>, H Quinteros<sup>1</sup>, T De la Puente<sup>1</sup>, M Bonillo<sup>1</sup>, N Valerio<sup>1</sup>, G Cruz<sup>1</sup>, JC De Luca<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy. <sup>2</sup>Instituto de Genética Veterinaria "Fernando Noel Dulout" (IGEVET), Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, La Plata.  
e-mail: eva.rby@gmail.com

Durante el proceso de producción, los agroquímicos empleados y las modalidades de su utilización exponen a un riesgo cierto a la población y al ambiente. El objetivo del presente estudio consistió en evaluar el efecto genotóxico de los plaguicidas en poblaciones rurales expuestas en Jujuy. Se analizó el daño cromosómico en linfocitos de sangre periférica. Se obtuvieron muestras de sangre de 129 personas (76 expuestos y 53 controles respectivamente). Previo a la obtención de las muestras de sangre se obtuvo el consentimiento informado de cada una de las personas que participaron en el estudio. Se contaron 200 metafases por individuo. El análisis estadístico se hizo mediante la prueba de  $\chi^2$ . Los resultados obtenidos revelaron un aumento significativo en la frecuencia de aberraciones cromosómicas en los individuos expuestos con respecto al grupo control, 5% y 1% respectivamente ( $P < 0,01$ ). Si bien el tamaño de la muestra es pequeño, los resultados obtenidos revelan un aumento significativo en la frecuencia de aberraciones en el grupo expuesto. Por otra parte los mismos indican la necesidad de mejorar las condiciones laborales de los trabajadores rurales.

## GENOTOXICITY OF THE WATERS (CAPTATION, TREATMENT AND DISCHARGE) OF A PETROLEUM REFINERY OF SÃO PAULO

Hara RV<sup>1</sup>, MP Berreta<sup>1</sup>, MM Roberto<sup>1</sup>, DF Angelis<sup>2</sup>, MA Marin-Morales<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Department of Biology, Institute of Biosciences, UNESP, Rio Claro, SP. <sup>2</sup>Department of Biochemistry and Microbiology, Institute of Biosciences, UNESP, Rio Claro, SP.

e-mail: raquel.hara@hotmail.com

The industries of petroleum refining release into the environment effluents rich in inorganic and organic contaminants. Among the organic chemicals released, the PAH stand out because they are associated to the increase of the incidence of several types of cancer in humans. The aim of this study was to compare the genotoxic and mutagenic potential of the captation, treatment and discharge waters of a petroleum refinery of the city of Paulínia-SP (Brazil), during two seasons (winter 2013 and summer 2014), by the *Allium cepa* test system. 8 collection sites were determined: Jaguari River (captation); raw effluent; after the biological treatment; after the stabilization pond treatment; Atibaia River upstream the effluent discharge and two sites downstream (200 and 500 m) from the effluent discharge. From the results analysis we can observe that there were no statistically significant frequencies of damages, in relation to the genotoxicity results, for any of the collections performed in this study. The same can be observed in relation to the induction of mutagenicity, where none of the samples collected were able to induce mutagenic damages in the meristematic cells of *A. cepa*. Thus, these data suggest that the effluent treatment system of the refinery has been effective in the removal of contaminants generated by the industry and that, probably; the refinery effluents are not interfering in the quality of the waters of the Atibaia and Piracicaba rivers. Moreover, the climatic factors did not influence in the contamination degree of the studied rivers.

## CYTOTOXIC AND GENOTOXIC EFFECTS OF *Euphorbia hirta* EXTRACT BY MEANS OF *Allium cepa* ASSAY

Araujo SS<sup>1</sup>, IRMR Santos<sup>1</sup>, PM Almeida<sup>1</sup>, MA Marin-Morales<sup>2</sup>, AM Benko-Iseppon<sup>1</sup>, AC Brasileiro-Vidal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal de Pernambuco. <sup>2</sup>Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho".

e-mail: ny\_araujo@hotmail.com

*Euphorbia hirta* L. (Euphorbiaceae) is widely used in popular medicine since it presents a variety of pharmacological effects. *E. hirta* commonly known as pill-bearing spurge, is an annual herbaceous plant with wide distribution on the tropics, used against digestive and respiratory tract disease. However, by now, there is no precise information regarding their adverse effects. Thus, the cytotoxic and genotoxic effects of *E. hirta* ethanolic extracts, were evaluated using of *Allium cepa* assay. Roots of *A. cepa* were exposed for 24 hours to different concentrations of *E. hirta* (2.5, 5.0 and 10.0 mg/mL) extract, as well as to positive controls (methyl methanesulfonate and trifluralin) and a negative control (ultrapure water). The material was fixed in Carnoy (ethanol:acetic acid 3:1, v/v) for 6-8 h, at room temperature, and stained with Schiff's reagent. The extracts of *E. hirta* did not present significant cytotoxicity compared to the negative control. Chromosomal alterations of nuclear bud type were found in all concentrations, polyploid metaphases at the concentrations 2.5 and 5.0 mg/mL, metaphases with chromosomal adherences at 5.0 mg/mL, and C-metaphases in cells exposed to the concentration of 10.0 mg/mL. Overall, no significant genotoxic effect was detected for the ethanolic extracts of *E. hirta* at the studied concentrations when compared to the negative control. Based on the obtained results, it could be inferred that the extracts of *E. hirta* did not present cytotoxic and/or genotoxic effects to the roots of *A. cepa*.

## TOXICITY OF THE FIELD CONCENTRATION OF HERBICIDE 2,4-D (2,4-DICHLOROPHENOXYACETIC ACID) COMMERCIAL

Souza CP, ACC Marcato, RB Souza, CS Fontanetti. Departamento de Biología, UNESP Rio Claro, SP, Brasil.  
e-mail: cleitonsouza\_bio@hotmail.com

*Allium cepa*, being higher plant, is recognized worldwide as an efficient bioindicator of environmental quality, because it has rapid root growth, large chromosome in small number ( $2n=16$ ), it is easy to grow and handling and it is available easily over the year. Thus, in this study has used bioassays with *A. cepa* to investigate the cytotoxicity, genotoxicity and mutagenicity of the concentration used in the field (0.548 microlitres/ml) of the herbicide 2,4-D (2,4-Dichlorophenoxyacetic acid) commercial. The seeds were submitted to germination in Petri dishes (continuous exposure in BOD at 22° C). After 8 days of exposure, roots were collected and fixed in Carnoy (3:1) and submitted to reactive of Schiff. The slides were made with root meristems submitted to gentle crushing between slide and cover slip. Data normality was assessed using the Kolmogorov-Smirnov and Shapiro-Wilk test. Only the mitotic index was not normally distributed, so the parametric Tukey test with a significance of  $p<0.05$  for statistical analysis was used. The nonparametric Mann-Whitney test with significance of  $p<0.05$  was used for statistical analysis of rates of chromosomal aberrations and mutagenicity. The herbicide presented cytotoxicity in organism test, which therefore demonstrates that although the dosage used is effective in combating weeds, this product can harm non-target organisms.

## DETERMINACIÓN DE EFECTOS GENOTÓXICOS DE AFLUENTES DEL LAGO YPACARAÍ CON EL BIOENSAYO DEL *Allium* TEST

Fernandez V, T López, D Franco de Diana, N Bobadilla, ME López Vera, F Ramond, D López. Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Dpto. de Biología, FACEN, UNA.  
e-mail: virginiafernandezperalta@gmail.com

El Lago Ypacaraí es una Cuenca ubicada en el departamento Cordillera - Paraguay que mide, aproximadamente, 60 Km<sup>2</sup>. Esta abarca cerca de 1.000 Km<sup>2</sup>, la cuál es afectada por actividades agropecuarias y otras fuentes poluidoras. Para evaluar el efecto genotóxico de los contaminantes de este lago se ha aplicado la técnica del Allium test, biomonitor adecuado tanto para el análisis de toxicidad como de genotoxicidad. Se han seleccionado 4 puntos; uno del Lago Ypacaraí (LY3), otro del efluente Río Salado (RS4) y dos afluentes Arroyo Pirajú (AP2) y Arroyo Yukyry (AY1). Se ha utilizado la técnica de coloración con Orceína acética que ha permitido determinar con mayor detalle los efectos citogenéticos de los puntos ya mencionados sobre células meristemáticas de *Allium cepa*. Estos ensayos fueron realizados bajo condiciones controladas a 24, 48 y 72 horas de exposición, se midieron los Índices Mitóticos y Frecuencia de Micronúcleos. El análisis estadístico mediante el test de ANOVA determinó que a diferentes horas de exposición la diferencia de medias es significativa al nivel 0,05 en cuanto al Índice Mitótico entre las muestras AY1, AP2 y LY3 con referencia al control negativo, además se ha observado en el punto AP2 gran cantidad de MN mostrando alta genotoxicidad, verificando que el ciclo replicativo celular sigue sin interrupción acumulando aberraciones cromosómicas.



RRGG

COMUNICACIONES LIBRES

# RECURSOS GENÉTICOS



## EVALUACIÓN DE VARIABILIDAD EN CLONES DE AZAFRÁN (AZAFRÁN (*Crocus sativus* L.))

Togno L<sup>1,2,3</sup>, L Mitjans<sup>1,3</sup>, L Del Barrio<sup>1</sup>, A López Frasca<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética General y Aplicada, F.C.A.-U.N.Cuyo, Almirante Brown 500. CP 5505 Chacras de Coria, Luján de Cuyo, Mendoza. <sup>2</sup>Estación Experimental Agropecuaria La Consulta, INTA, Ex ruta 40 Km 96. CP 5567 La Consulta, San Carlos, Mendoza. <sup>3</sup>Ex Aequo.  
e-mail: togno.leonardo@inta.gob.ar

Con el objetivo de evaluar la variabilidad existente entre clones de azafrán (denominados F, G, M y R) en Chacras de Coria, Mendoza a 921 m.s.n.m. (32° 59'S; 68° 52'W), se realizó un ensayo a campo en bloques, con tres repeticiones. Los cormos plantados pesaron entre 20,5 y 23,4 g. Se estudiaron aspectos agronómicos, fenológicos y de calidad. Los caracteres evaluados fueron: a) días desde plantación a inicio de floración, b) días desde plantación a fin de floración, c) flores por cormo, d) longitud de estigmas frescos, e) peso seco de estigmas, f) peso del extracto seco soluble de estigmas, g) color de estigmas por colorimetría. Los datos se analizaron por métodos univariados y multivariados. Se detectaron diferencias entre clones ( $p \leq 0,10$ ), en: fechas de inicio y fin de floración, peso seco de los estigmas, peso del extracto seco y color de estigmas. Los clones se agruparon por los caracteres que presentaron diferencias, por medio de un análisis de componentes principales y de conglomerados. Se definieron tres grupos conformados por: I) El clon F de menor calidad y productividad, y de mayor precocidad; II) Los clones G y R de alta productividad y de valores medianos en calidad y precocidad y III) El clon M de alta producción y calidad, y de menor precocidad. La información obtenida permitió caracterizar los clones que revelaron una expresión diferencial en el sitio de evaluación así como la potencialidad para la selección de nuevos cultivares.

## VARIABILITY AND MORPHOLOGIC CHARACTERIZATION OF PEPPERS COLLECTED IN ESPÍRITO SANTO STATE, BRAZIL

Moulin MM<sup>1</sup>, PA Bianchi<sup>1</sup>, MO Fernandes<sup>1</sup>, FN Viana<sup>1</sup>, JO Santos<sup>2</sup>, AC Santos Júnior<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Federal do Espírito Santo, Campus de Alegre. <sup>2</sup>Universidade Federal do Maranhão.  
e-mail: mmmoulin@ifes.edu.br

In Brazil, small farmers are responsible for pepper production as well as for landraces maintenance. Peppers (*Capsicum* spp.) have economic potential and high genetic variability. The aim of this study was to carry out the morphological characterization and evaluation of the genetic diversity of pepper accessions which belongs to *Capsicum* Instituto Federal do Espírito Santo genebank, in Brazil. Thirty accessions were characterized through ten morphological descriptors: plant height, canopy width, fruit shape, fruit length, fruit width, number of seeds per fruit, number of locules per fruit, leaf length, leaf width and stem width. The experimental design was in a completely randomized design with six replications. The genetic divergence among the accessions was estimated by Tocher grouping method, with the employment of the Mahalanobis's distance, as a measure of dissimilarity, that resulted in eight groups. The Singh's method was used to estimate the relative contribution of each character in the expression of genetic divergence. Fruit width (20.19%) and plant height (19.46%) were the ones that most contributed to total divergence (39.65%) among the evaluated accessions. The results reveal high genetic variability among accessions of *Capsicum* spp. collected in the South of Espírito Santo State, in Brazil. There was no relationship between genetic distance and areas of collection.

## ESTUDIO DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NORPATAGÓNICAS DE “ÑANCOLAHUÉN” MEDIANTE AFLP

Nagahama N<sup>1,3</sup>, MM Manifesto<sup>2</sup>, CM Arizio<sup>2</sup>, RH Fortunato<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agroforestal (INTA-Esquel). <sup>2</sup>Instituto de Recursos Biológicos, CIRN-INTA Castelar. <sup>3</sup>CONICET.

e-mail: nagahama.nicolas@inta.gob.ar

*Valeriana carnos* (*Valeriana carnos* Sm. *n.v.* “Ñancolahuén”) crece en Argentina desde el sur de Mendoza hasta Tierra del Fuego, en sitios abiertos de zonas boscosas, en la transición bosque-estepa y en la estepa. Esta especie desarrolla rizomas carnosos, que son utilizados en la medicina popular y su obtención implica prácticas de recolección extractivas con potencial impacto por pérdida del recurso genético. El objetivo de este trabajo es realizar un estudio exploratorio en poblaciones de *V. carnos* para monitorear su diversidad genética en pos de su conservación. Se analizaron tres poblaciones de diferentes localidades de la región norte de Patagonia: (1) ambiente de bosque del noroeste de Neuquén, (2) ecotono bosque-estepa del suroeste de Chubut y (3) estepa al este de Chubut. De cada población se analizaron 10 individuos mediante AFLP empleando 4 combinaciones de *primers*. Los perfiles de fragmentos amplificados se generaron por genotipificación automática. Se registraron en total 764 *bins* (alelos, 50-500 pb), resultando 526 polimórficos (68,94%) y un promedio de 131 alelos por combinación. A partir de estos datos se estimaron las frecuencias alélicas, de heterocigosidad, distancia genética y se realizaron los análisis estadísticos AMOVA y PCoA. Los resultados revelaron mayor variabilidad intra-poblacional que inter-poblacional, diferencias significativas entre las poblaciones y un 9-11% de alelos únicos para cada población.

## CARACTERIZACIÓN DE MARCADORES MICROSATÉLITES EN *Plinia jaboticaba* (VELL.) KAUSEL

Machado LO<sup>1</sup>, D Olkoski<sup>1</sup>, DA Martins<sup>2</sup>, A Wagner Junior<sup>3</sup>, RO Nodari<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, UFSC, Florianópolis, Brasil. <sup>2</sup>Instituto Federal de Educação e Tecnologia de Santa Catarina, São Miguel do Oeste, Brasil. <sup>3</sup>Universidade Técnica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, Brasil.

e-mail: lilian.o.machado@gmail.com

*Plinia jaboticaba* (Vell.) Kausel es una especie frutal de la familia *Myrtaceae* popularmente conocida como jaboticaba. Esta especie es nativa de Brasil y ocurre predominantemente en el Bioma Mata Atlántica. Entre las principales amenazas para esta especie están la erosión genética causada por la fragmentación y la destrucción de sus áreas de ocurrencia natural. El objetivo del estudio fue desarrollar y caracterizar marcadores microsatélites (SSR's) para *P. jaboticaba* para su uso en estudios de genética de poblaciones. A partir de una biblioteca genómica enriquecida fueron desarrollados iniciadores para 22 secuencias de ADN que contenían SSR's identificados. De esos, siete iniciadores fueron estandarizados y presentaron polimorfismo, siendo entonces utilizados en 41 individuos de una población. El número promedio de alelos por locus fue de 5,57 con un contenido de información polimórfica (PIC) promedio de 0,5175. Las heterocigosidades observada ( $\hat{H}_o$ ) y esperada ( $\hat{H}_e$ ) variaron desde 0,146 hasta 0,95 y desde 0,307 hasta 0,785, respectivamente. Tres locus presentaron desvíos significativos del Equilibrio de Hardy-Weinberg ( $p < 0,05$ ). Los siete iniciadores fueron probados con éxito en la amplificación en otras dos especies del género (*P. peruviana* y *P. cauliflora*). Estos resultados preliminares demuestran la utilidad de los locus de microsatélites en la evaluación de la diversidad genética de *P. jaboticaba*. Además los resultados señalan una posible aplicación a otras especies del género, ya que estos son los primeros SSR's desarrollados para una especie del género *Plinia*.

## FENOTIPOS MORFOLÓGICOS Y PRODUCCIÓN DE SEMILLA EN PAPAS SILVESTRES DE LA PROVINCIA DE TUCUMÁN

Leofanti GA<sup>1</sup>, LE Erazzú<sup>2</sup>, EL Camadro<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Cs. Agrarias-UNMdP, CONICET, INTA-Balcarce. <sup>2</sup>INTA-Famaillá.

e-mail: gabrielaleofanti@gmail.com

Las papas silvestres (*Solanum* spp.) se distribuyen ampliamente en América. Forman series poliploides ( $2n=2x$  a  $6x$ ;  $x=12$ ) y se reproducen sexual y asexualmente. En la naturaleza están aisladas por barreras reproductivas externas y/o internas (pre- y poscigóticas) que pueden ser incompletas, facilitando la hibridación. Representan una importante fuente de genes de interés para el mejoramiento genético de la papa común, *S. tuberosum* L. Se desconoce la estructura genética de las poblaciones naturales y el modo preponderante de reproducción, conocimientos necesarios para hacer más eficiente el muestreo, conservación *ex situ*, y uso aplicado. Como actividades preliminares de un proyecto mayor para investigar la estructura genética de una población espontánea de papas silvestres (>500 plantas) en Amaicha del Valle, Tucumán, se describió la flora acompañante y fenotipos morfológicos de las papas. Se recolectaron 168 frutos, determinándose n°, tamaño y aspecto de semillas/fruto. Se identificaron ejemplares de 15 familias botánicas. Por fenotipos morfológicos, algunas plantas de papa se asimilaron a las especies taxonómicas *Solanum gourlayi*, *S. spegazzinii*, o *S. oplocense*, otras presentaron morfología intermedia (posibles híbridos) o no se asimilaron a ninguna especie taxonómica. Las semillas se clasificaron como A= llenas, C= vacías y B= intermedias. El n° de semillas por fruto varió de 7 a 330, observándose correlación negativa (-0,42) entre éste y el porcentaje de semillas C. Las semillas A serían resultado de cruzamientos compatibles; las B y C indicarían la acción de barreras reproductivas internas.

## RESPUESTAS A RADIACIÓN UV-B EN POBLACIONES DE LA ESPECIE SILVESTRE DE PAPA *Solanum kurtzianum*

Ibáñez VN<sup>1</sup>, F Berli<sup>2</sup>, RW Masuelli<sup>1</sup>, RA Bottini<sup>2</sup>, CF Marfil<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET.

<sup>2</sup>Laboratorio de Bioquímica Vegetal, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET.

e-mail: cmarfil@fca.uncu.edu.ar

La utilización en el fitomejoramiento de las más de 200 especies silvestres de papa (*Solanum*, sección *Petota*) ha dependido en gran medida de la caracterización citogenética, genética y de distribución geográfica, aunque todavía se conoce poco sobre aspectos ecológicos de estas especies emparentadas con el cuarto cultivo en importancia mundial. En el marco de un programa de conservación *in situ* de *Solanum kurtzianum* en la Reserva Natural Villavicencio (RNV), comenzamos a estudiar cómo influyen ciertas variables climáticas en la distribución de las poblaciones a lo largo de un gradiente altitudinal. En la RNV, las poblaciones de *S. kurtzianum* se distribuyen entre los 1100 y 2400 msnm, con un rango de variación de radiación ultravioleta-B (UV-B) del 15% en intensidad. El objetivo del trabajo fue caracterizar respuestas morfofisiológicas de *S. kurtzianum* frente al estímulo de UV-B y evaluar su influencia en la distribución de sus poblaciones. Para esto, se cultivaron 78 genotipos de dos poblaciones recolectadas en los extremos del gradiente altitudinal (1228 vs. 2166 msnm) con exclusión de radiación UV-B (-UV-B) y con suplementación de UV-B (+UV-B), simulando las intensidades del sitio de mayor altitud. El tratamiento +UV-B aumentó el contenido de pigmentos fotoprotectores en las hojas, produjo retrasos en floración y aumentos en el peso de los tubérculos. La respuesta de los genotipos de baja altitud a la radiación UV-B fue más pronunciada en comparación con los de alta altitud, lo que puede indicar que las plantas de altura están adaptadas y/o aclimatadas a la radiación UV-B.

## URBAN GARDENS AS GENE POOLS FOR *Acca sellowiana* (O.BERG) BURET DIVERSITY CONSERVATION

Vilperte V<sup>1</sup>, J Donazzolo<sup>2</sup>, GHF Klabunde<sup>1</sup>, RO Nodari<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, UFSC, Florianópolis, Brazil. <sup>2</sup>Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, Brazil.

e-mail: vilperte@gmail.com

*Acca sellowiana*, commonly known as feijoa, is a fruit tree species from the Myrtaceae family, naturally occurring from the South of Brazil to the North of Uruguay. Besides the use for fruit production, the species is also used as an ornamental plant in urban gardens in Southern Brazil, contributing to the maintenance of its genetic variability. This study aimed to analyze the genetic diversity of *A. sellowiana* from different urban gardens in Vacaria- RS, Brazil. Leaf tissue samples of 59 plants were collected and DNA was extracted, amplified by PCR using nine microsatellite loci (Ase08, Ase21, Ase25, Ase28, Ase31, Ase34, Ase40, Ase42 and Ase59) and genotyped by capillary electrophoresis. A total of 122 alleles were amplified, ranging from 6 to 24 per locus, with an average of 13.5 alleles. The Observed Heterozygosity ( $H_o$ ) showed a mean of 0.724 and the Polymorphism Information Content (PIC) showed a mean of 0.788. Similar results using the same SSR markers were found in a natural population ( $H_o$  of 0.779, PIC of 0.742 and a total of 124 alleles amplified). Thus, the high levels of genetic diversity in the urban gardens can be explained by the distinct origin of the plants. According to the garden owners, most of the analyzed plants came from neighboring regions, thus making the region of Vacaria a small bank of germplasm that contains a precious part of the species diversity. Nowadays, the process of urbanization has been growing quickly and strategic forms of germplasm conservation, such as urban gardens, can be extremely useful for diversity conservation.

## VARIABILIDAD EN LA SECUENCIA DEL GEN PVTFL1Y ASOCIADO AL CRECIMIENTO DETERMINADO EN POROTO

Ferreira MJ<sup>1</sup>, MC Menéndez Sevillano<sup>1</sup>, L Ibarra<sup>1</sup>, M Molas<sup>1</sup>, M Galván<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>INTA EEA Salta. <sup>2</sup>CONICET.

e-mail: ferreyra.mariana@inta.gob.ar

El gen *PvTFL1y* es responsable de la variación natural en el hábito de crecimiento determinado del poroto común, característica que fue seleccionada durante la domesticación. El pariente silvestre del poroto tiene hábito de crecimiento indeterminado, el cuál es un rasgo dominante. En este trabajo se analizó la variabilidad en parte de la secuencia del gen *PvTFL1y* en 2 poblaciones silvestres, 2 primitivas y 2 variedades de *Phaseolus vulgaris* y 2 poblaciones silvestres y una primitiva de *P. lunatus*. Con el ADN extraído a partir de plántulas se amplificó parcialmente el gen *PvTFL1y* mediante PCR utilizando los primers TFL1 y TFL4. Los fragmentos amplificados se separaron por electroforesis en geles de agarosa 1,5% teñidos con GelRed<sup>TM</sup> y se secuenciaron. Las secuencias se analizaron con el programa BioEdit y se compararon con secuencias disponibles en la base de datos del *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Se identificaron las variaciones (SNPs, Indels) en las secuencias obtenidas y los haplotipos. Las poblaciones silvestres y primitivas de *P. vulgaris* se correspondieron con el haplotipo A1 y las variedades Alubia y Nag12 con los haplotipos A2 y M2 respectivamente, descritos anteriormente en la bibliografía. Se obtuvieron los haplotipos para las poblaciones de *P. lunatus* no descrito previamente. El conocimiento de la variabilidad en esta secuencia es de gran utilidad en la evaluación de los “pools” génicos del poroto, en estudios evolutivos relacionados con la domesticación de *P. vulgaris* y como base para futuros estudios de expresión génica.

## IDENTIFICACIÓN MEDIANTE SSR DE CULTIVARES DE NOGAL (*Juglans regia* L.) OBTENIDOS EN INTA CATAMARCA

Ulrich N<sup>1</sup>, A Toro<sup>2</sup>, A Prativiera<sup>2</sup>, D Tosto<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA, N. Repetto y Los Reseros s/n, Hulingham, Buenos Aires. <sup>2</sup>INTA EEA Catamarca. Ruta Prov. 33, Km 4.5, Sumalao, Dpto. Valle Viejo, Catamarca. <sup>3</sup>Dto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA. e-mail: toro.alejandro@inta.gob.ar tosto.daniela@inta.gob.ar

El cultivo del nogal en Argentina data desde su introducción por los franciscanos, arraigándose en las zonas áridas de altura del Noroeste y Cuyo, cubriendo actualmente 16.000 ha. A partir de 1982 se incrementó la variabilidad genética mediante la introducción de variedades “Californianas”. En base al material introducido y selecciones locales, se comenzó un programa de mejora varietal, obteniéndose cultivares que merecen resguardo genético. La identificación rápida y confiable de una variedad es esencial en las prácticas de mejoramiento y conservación; siendo la caracterización molecular una herramienta precisa. El objetivo del presente trabajo es la caracterización genética de cultivares de nogal obtenidos en el INTA Catamarca para aportar información molecular a los descriptores morfológicos. Se analizaron 12 variedades utilizando 10 marcadores microsátélites (SSR). Seis cultivares están inscriptos en el INASE: Argentina, Chichi Jais, Davis, Jais Franquette, Trompito y Yaco Tula. Los otros seis, próximos a inscribirse son Choya, California, Denett, Esquiú, Jais Mayette y Ramillete. Los marcadores utilizados amplificaron productos que se encuentran entre 150 y 300 pb, siendo los SSR WGA1, WGA118, WGA225 los más polimórficos para las muestras analizadas hasta el momento. A partir de la información obtenida se aporta el Perfil de Identificación Molecular (*fingerprint*) a la caracterización de cada una de las nuevas variedades.

## DIVERSIDAD MORFOLÓGICA EN POBLACIONES MANEJADAS DE YERBA MATE NATIVA EN SANTA CATARINA, BRASIL

Mattos AG<sup>1,2</sup>, AA Zechini<sup>1,2</sup>, AR Rotta<sup>2</sup>, N Peroni<sup>1</sup>, MS Reis<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais-Universidade Federal de Santa Catarina. <sup>2</sup>Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais-Universidade Federal de Santa Catarina. e-mail: andrea.gmattos@gmail.com

*Ilex paraguariensis* A. St. Hil es el principal recurso forestal no maderero proveniente del extractivismo en Brasil, presentando gran importancia en la economía de la agricultura familiar en la región de los Bosque con araucarias, siendo la principal vía de obtención de yerba mate en el país. Diversos estudios han sido realizados para comprender la construcción del conocimiento local acerca de los sistemas de producción y prácticas de manejo empleadas en las poblaciones de la especie y su influencia en la estructura y diversidad de las mismas. En este estudio se evaluó la existencia de variabilidad morfológica en hojas de yerba mate, asociada a los sistemas y prácticas de manejo local. Fueron estudiadas 8 áreas (unidades de paisaje con cobertura forestal): 4 manejadas (más de un uso; presencia de ganado), 3 promovidas (exploración de la yerba solamente) y una sin prácticas de manejo por más de 70 años. Fueron muestreadas 20 plantas por área y se realizó la caracterización morfológica del tallo, hoja, coloración, tamaño y forma de 20 hojas por planta. La diversidad morfológica presente dentro y entre los grupos de las unidades de paisaje fue estimada por el índice de diversidad de Shannon. Los resultados demostraron diferenciación para características de forma de hoja en individuos jóvenes para las poblaciones manejadas, señalando un proceso incipiente de domesticación asociados a las prácticas tradicionales de manejo. Apoyo: CAPES, CNPq, FAPESC, CONSERVABIO.

## METABOLISMO DE POLIFENOLES EN YERBA MATE: IDENTIFICACIÓN DE GENES DE LA FAMILIA PAL

Fay JV<sup>1</sup>, LN Talavera Stefani<sup>1</sup>, CB Percuoco<sup>1</sup>, CA Rojas<sup>2</sup>, CF Argüelles<sup>1</sup>, MM Miretti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio GIGA, IBS\_Nodo Posadas, FCEQyN, UnaM-CONICET. <sup>2</sup>UNILA, Foz de Iguazú, PR, Brasil.

e-mail: mmirettio3@yahoo.co.uk

La actividad antioxidante de la yerba mate es mayormente atribuida al alto contenido de compuestos fenólicos. La fenilalanina amonio-liasa (PAL: *Phenylalanine ammonia-lyase*) cataliza la primera etapa en la ruta de fenilpropanoides, y es un punto de regulación importante entre el metabolismo primario y secundario. Su síntesis es inducible y responde al estrés biótico y abiótico como agentes patógenos, radiación UV y baja temperatura. En yerba mate actualmente no se conocen secuencias relacionadas a la familia de genes que codifican la enzima PAL. El objetivo de este trabajo fue identificar regiones codificantes de PAL en *Ilex paraguariensis*. Para ello, se diseñaron cebadores sobre regiones conservadas en un alineamiento de 22 secuencias derivadas de diferentes especies de plantas disponibles en GenBank. Los cebadores ensayados generaron un único producto de amplificación en yerba mate del tamaño esperado para la porción del gen PAL (500 pb). La secuenciación y el análisis del amplicón obtenido nos permiten confirmar si el producto de amplificación pertenece a un único gen, e identificar a cuál de ellos. La identificación de genes que participan en el metabolismo de antioxidantes en yerba mate es importante para verificar su actividad transcripcional y posibles efectos de la variación genética detrás de estos caracteres.

## OLIVE BEHAVIOR IN THE LATITUDINAL GRADIENT OF CULTIVATION IN ARGENTINA: GE INTERACTIONS

Torres M<sup>1</sup>, C Contreras<sup>2</sup>, D Maestri<sup>3</sup>, M Brizuela<sup>4</sup>, P Searles<sup>5</sup>, F Fernandez<sup>6</sup>, J Ladux<sup>6</sup>, J Ortiz<sup>6</sup>, A Toro<sup>7</sup>, C Matias<sup>7</sup>, J Cólica<sup>7</sup>, D Montalván<sup>7</sup>, S Molina<sup>7</sup>, C Puertas<sup>8</sup>, E Trentacoste<sup>8</sup>, P Pierantozzi<sup>2</sup>. <sup>1</sup>EEA San Juan-INTA/CONICET. <sup>2</sup>Centro Regional Mendoza-San Juan-INTA/CONICET. <sup>3</sup>IMBIV-CONICET-UNC, Córdoba. <sup>4</sup>PROPLAME PHRIDEB (CONICET), Fac. Cs. Ex. y Nat.-UBA, Buenos Aires. <sup>5</sup>Centro Regional de Investigaciones Científicas y Transferencia Tecnológica de La Rioja (CRILAR-CONICET). <sup>6</sup>AER Aimogasta, La Rioja-INTA. <sup>7</sup>EEA Catamarca-INTA. <sup>8</sup>EEA Junín, Mendoza-INTA.

e-mail: torres.mariela@inta.gob.ar

“Arauco” is the only olive cultivar from Argentina recognized by the International Olive Oil Council. The morphological differentiation and the specific characteristics of olive oil can be affected by environmental and genetic factors. The argentine map of olive-growing areas covers a broad spectrum of regions with very different climate and soil conditions. Moreover, the local nurseries propagate their material from cuttings of over 70-year-old orchards. This could cause a large varietal polymorphism, presenting in many cases a marked predominance of varietal populations, with an average behavior and dispersion in characteristic parameters. The aims of this study were to evaluate: a) genetic intra-cultivar diversity by microsatellites markers; b) morphological, agronomic and phenological parameters; c) oil chemical composition of “Arauco” accessions throughout the latitudinal gradient of cultivation in Argentina. The field experiment was conducted in the provinces of Catamarca (C), La Rioja (LR), San Juan (SJ) and Mendoza (M) during 2011/12 and 2012/13 growing seasons. We observed a change in the phenology in warmer areas (C and LR), which included the timing of flowering, stone hardening and fruit maturation. Oleic acid content, total phenols and oxidative stability were higher in the regions of LR, SJ and M with respect to C. Regarding molecular analysis, a low level of polymorphism among accessions was evidenced. These data apparently? Likely? would reflect the phenotypic plasticity of “Arauco” grown under contrasting environments in Argentina.

RRGG 13

## RESISTENCIA A GLIFOSATO EN POBLACIONES NATURALES DE *Brassica napus* EN ARGENTINA

Pandolfo C<sup>1,2</sup>, A Presotto<sup>1,2</sup>, I Uribe<sup>1</sup>, A Kirzner<sup>1</sup>, JP Migasso<sup>3</sup>, F Mock<sup>3</sup>, M Cantamutto<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Dpto. de Agronomía, UNdelSur. <sup>2</sup>Conicet Bahía Blanca.

<sup>3</sup>BASF Argentina S.A.

e-mail: cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

El germoplasma nacional fue indispensable para el desarrollo de las variedades de colza-canola conocidas como *Argentine type* (*Brassica napus* L.), logrado por los programas de mejora de Canadá a partir de material genético proveniente de Argentina. La especie *B. rapa*, cuyas variedades mejoradas se conocen como colza *Polish type*, no se cultiva en el país pero está muy difundida como maleza cosmopolita en la mayor parte del territorio. La producción nacional de colza-canola utiliza variedades convencionales de *B. napus*, dado que las variedades transgénicas con resistencia a glifosato están prohibidas debido al alto riesgo de flujo génico. A partir de 2008 se realizaron misiones de exploración para localizar poblaciones naturales del complejo taxonómico de colza-canola en el territorio nacional. Se observaron voluntarios de colza en bordes de caminos con intensa circulación de transportes de granos en dos provincias, en forma aislada y sin generar poblaciones persistentes. En 2012 se identificaron poblaciones naturales de *B. napus* con elevada resistencia a glifosato y persistencia superior a tres años. Las plantas constituían malezas de difícil control en barbechos y cultivos de soja resistente a glifosato, en lotes en los que no se había cultivado colza-canola. La persistencia de estas poblaciones ferales fue confirmada en el otoño de 2014. Si se descartara el escape de transgenes, las poblaciones de *B. napus* con resistencia a glifosato constituirían un nuevo recurso genético para el mejoramiento de la colza-canola.







**BAG**  
Journal of Basic & Applied Genetics