

CONFERENCIAS

Conferencia plenaria “Francisco Saez”

FILOGEOGRAFÍA ECOLÓGICA Y MODELOS COALESCENTES SUGIEREN UNA EXPANSIÓN POBLACIONAL LINEAL DE *Anastrepha fraterculus* (TEPHRITIDAE) DESDE HACE 2500 AÑOS

Vilardi J.C.I. IIEGEB (UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina.
vilardi10@gmail.com

Anastrepha fraterculus es un complejo de especies sinmórficas que comprende al menos ocho entidades biológicas diferentes. Las poblaciones de Argentina pertenecerían al morfotipo “Brasilero-1”, presente en las regiones subtropicales del noreste y noroeste, con clima cálido y húmedo. En nuestro laboratorio se analizó la variabilidad de un fragmento (417 pb) del gen mitocondrial *COII*. Inicialmente no se encontró una asociación entre la variabilidad haplotípica y la distribución geográfica. Sin embargo, la disponibilidad de herramientas informáticas permite la integración de datos moleculares, geográficos y ambientales dentro del marco de modelos que logran una mejor aproximación al estudio de la genética del paisaje, aplicando modelos coalescentes y análisis bayesianos para realizar un agrupamiento ecológico. Se analizaron siete poblaciones de Argentina y una del sur de Brasil; incluyeron seis variables ambientales consideradas importantes para modelar la distribución de *A. fraterculus*. La evidencia obtenida sugiere que ocurrió una expansión lineal de la población desde hace unos 2500 años. Se identificaron dos clusters, uno incluye poblaciones de Misiones y Jujuy y el otro poblaciones situadas en Pelotas (Brasil), Tucumán, Entre Ríos, San Luis y Buenos Aires. A partir de poblaciones de Misiones la población se habría expandido hacia el sur y el oeste. Esta expansión podría en parte asociarse a factores antrópicos relacionados con la expansión de la cultura Tupi-Guaraní hace 3000-1500 AP.

PLATAFORMA DE *SPEED BREEDING* APLICADA AL PRE-MEJORAMIENTO DE TRIGO

Lombardo L.I. EEA INTA Marcos Juárez, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina.
lombardo.lucio@inta.gob.ar

Nuevas tecnologías y disciplinas como son la bioinformática, la secuenciación de última generación y la genómica funcional están permitiendo obtener una amplia y creciente gama de marcadores moleculares de genes de interés agronómico en trigo. Sin embargo, los tiempos biológicos de avance en el mejoramiento convencional limitan considerablemente la velocidad con que la aplicación de estos conocimientos llega a materiales mejorados. En este sentido, existe la necesidad de contar con herramientas para favorecer el avance genético y la selección asistida por marcadores en lapsos de tiempos menores que los obtenidos por el mejoramiento convencional. La técnica de *speed breeding* (mejoramiento acelerado) aporta soluciones para esta problemática. En la EEA Marcos Juárez, sede del programa nacional de mejoramiento de trigo de INTA, se construyó una plataforma de *speed breeding* de bajo presupuesto que se está usando para: a) acortar significativamente los tiempos necesarios para la estabilización de poblaciones segregantes; b) enriquecer líneas estabilizadas con alelos favorables de genes de interés agronómico; y c) dar respuesta a necesidades específicas del programa, como la introgresión de caracteres de difícil visualización a campo. El objetivo de esta disertación es transmitir nuestra experiencia en la temática a otros grupos de trabajo que estén interesados en empezar a utilizarla.

MECANISMOS DE ADAPTACIÓN DE LOS BOVINOS A AMBIENTES EXTREMOS

Giovambattista G.¹ Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET-CONICET-UNLP), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

Los bovinos domésticos son descendientes del *Bos primigenius*. Este antecesor salvaje tenía una amplia distribución geográfica en Eurasia y norte de África. A partir de los centros de domesticación, los bovinos se dispersaron siguiendo las rutas migratorias humanas, expandiendo aún más su amplia distribución geográfica original. En la actualidad esta especie doméstica se encuentra en todos los continentes con la excepción de la Antártida. Como consecuencia de esto, las poblaciones bovinas tuvieron que adaptarse a una gran variedad de condiciones ambientales, tales como condiciones de hipoxia en mesetas de altura, climas tropicales, áreas desérticas y frías extremas. Los bovinos de estas regiones han desarrollado estrategias fisiológicas y características morfológicas para adaptarse a estas condiciones adversas. La disponibilidad de datos masivos de microarrays de SNPs de mediana y alta densidad y de secuenciación de genomas por NGS, así como, el desarrollo de métodos de análisis, ha permitido identificar regiones y genes asociados a huellas de selección. Por lo tanto, la presente charla se focaliza en la descripción del estado del arte sobre la genética de la adaptación de los bovinos a los diferentes ambientes que habitan. Para tal fin se detallarán las diferentes rutas y genes involucrados en la adaptación en diferentes modelos, tales como los bovinos del Tíbet y del Altiplano Boliviano, razas tropicales y razas de Siberia. Los resultados obtenidos por los diferentes autores han contribuido a incrementar nuestros conocimientos sobre las bases genéticas de la adaptación a diferentes condiciones ambientales y contribuyen a revalorizar los recursos zoogenéticos locales.

Conferencia inaugural

GENÉTICA Y GENÓMICA EN EL TERCER MILENIO

Solano A.R.¹ Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas "Norberto Quirno" (CEMIC). Instituto de Investigaciones Biomédicas (INBIOMED), UBA-CONICET, CABA, Buenos Aires, Argentina.

drsolanolangela@gmail.com

Queridos colegas amigos, es un placer inaugurar el 48vo. Congreso Argentino de Genética, nuestra Comisión Directiva y yo les damos la bienvenida a la primera reunión virtual. En las últimas dos décadas la genética y la genómica tuvieron avances extraordinarios, sustentado en el modo transversal en que afecta todas las áreas. Una muestra fehaciente es nuestro Congreso Argentino de Genética que convoca profesionales de la ciencia agropecuaria, entomológica, humana, microbiológica y ciencias básicas de todas estas disciplinas. La genética y la genómica tienen a disposición varias técnicas asombrosas, las cuales pueden ser utilizadas en cualquier escala y a la distancia, pero mantienen una condición inevitable, la necesidad de interpretación de los resultados en manos de expertos en cada área para dar resultados de excelencia, como debe exigirse siempre en la ciencia. Así se van derribando los mitos de la aplicación de la genética que es "menos exacta", o "puede provocar distrés en salud", o "sólo pueden aplicarla los expertos". La interacción entre los profesionales intervinientes cumpliendo cada uno su papel fundamental, es uno de los valores agregados más fructíferos resultantes de la expansión de la genética. Describiré la aplicación en oncología principalmente, su expansión a cardiología y otras áreas, exponiendo los riesgos y los desafíos de esta era. Estará presente la medicina de precisión que nació para no irse, junto a uno de los principales objetivos de cualquier profesión: la posibilidad de prevenir. Con los mejores deseos, dejo inaugurado nuestro 48vo. Congreso de la SAG.

FARMACOGENÉTICA Y FARMACOGENÓMICA: FUNDAMENTOS, DIFICULTADES Y EJEMPLOS DE ÉXITO EN LA IMPLEMENTACIÓN CLÍNICA. ¿ESTAMOS PREPARADOS?

López Fernández L.A.¹. ¹Hospital General Universitario Gregorio Marañón, Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón, Madrid, España.

luis.lopez@iisgm.com

La farmacogenética (FG) es una disciplina emergente que estudia las bases genéticas de la variabilidad interindividual en la respuesta a los fármacos con el objeto de optimizar el tratamiento farmacológico y disminuir los efectos adversos de los medicamentos. Tal variabilidad depende, entre otros factores, de variantes genéticas que pueden modificar la expresión y/o la función de enzimas y proteínas que intervienen en la absorción, distribución, metabolización y excreción de los fármacos. Las investigaciones recientes han llevado al descubrimiento de numerosos marcadores con valor pronóstico y predictivo de importancia clínica. El Consorcio “*Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium (CPIC)*” y la base “*The Pharmacogenomics Knowledge Base (PharmGKB)*”, evalúan sistemáticamente la gran cantidad de información FG y publican la lista de los pares genética-drogas y guías clínicas. Además, entre otras, las agencias reguladoras de medicamentos de Estados Unidos (FDA) y Europa (EMA), incluyen información FG en las etiquetas técnicas de ciertos fármacos. Actualmente se dispone de casi 250 medicamentos con etiquetas farmacogenéticas. A pesar de los importantes avances, lo cierto es que la gran mayoría de la información FG disponible no se aplica de manera generalizada en la práctica clínica. Se presentan ejemplos aplicados y en investigación en farmacogenética para prevenir toxicidad a fármacos.

SARS-CoV-2 Y EL LABORATORIO DE VIROLOGÍA

Videla C.¹. ¹Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas “Norberto Quirno” (CEMIC), CABA, Buenos Aires, Argentina.

cvidela@cemic.edu.ar

En diciembre de 2019, se identificó un nuevo coronavirus el SARS-CoV-2 en casos de neumonía de habitantes de la ciudad de Wuhan, China. El número de casos se incrementó rápidamente extendiéndose a distintos continentes. El 30 de enero la WHO declaró la pandemia. Los casos de SARS-CoV 2 se relacionaron con el mercado de animales marinos de Wuhan, sugiriendo un origen zoonótico, probablemente un salto de especie de murciélago al humano; no está claro aún si intervino un huésped intermediario. Este es el séptimo corona que infecta a humanos después de los conocidos 229E, OC43, NL63 y HKU1 que mayormente producen el resfrío común y los otros dos causantes de neumonías severas, el SARS-CoV (2002-2003) y el más reciente MERS-CoV (2012). La rápida caracterización de este nuevo corona incluyó su aislamiento en cultivo de células, imágenes por microscopía electrónica, secuencia completa del genoma, desarrollo PCRs contra los distintos genes virales, lo que permitió el diagnóstico de la enfermedad, su caracterización y seguimiento y la toma de medidas de control. El estudio de la respuesta inmune surgió como otra alternativa diagnóstica, desarrollándose ensayos para la detección de IgM e IgG que permiten estudiar la respuesta inmune de los infectados y ser aplicadas en ensayos de vacunas y caracterización de inmunoseros. El Laboratorio de Virología acompañó la evolución de este descubrimiento, ya sea optimizando el diagnóstico molecular y serológico, buscando alternativas para los recursos escasos debido a la pandemia y participando en diversos estudios clínicos.

NUEVAS TÉCNICAS DE MEJORAMIENTO APLICADAS A CULTIVOS DE IMPORTANCIA AGRÍCOLA

Kreff, E.D.¹. ¹Pioneer Argentina S.R.L. (Corteva), Buenos Aires, Argentina.
enrique.kreff@corteva.com

La creciente demanda mundial de alimentos, los cambios de paradigmas productivos y las variaciones ambientales son factores que generan desafíos para el desarrollo de cultivos agrícolas mejorados. La demanda de alimentos se encuentra asociada al crecimiento poblacional y a los patrones de consumo. Por otro lado, la producción agrícola es afectada por los paradigmas productivos y por componentes ambientales, como la frecuencia de estreses bióticos y abióticos. Para poder satisfacer esos desafíos del mejoramiento genético debemos identificar procedimientos, tecnologías e innovaciones que nos permitan mejorar la productividad y características nutricionales de los cultivos, así como la expansión de los mismos a nuevas regiones. Dentro de las tecnologías que pueden proveer un efecto positivo en el mejoramiento genético de las plantas se encuentra la edición génica, incluyendo a CRISPR Cas9. La edición génica puede permitir la generación de plantas mejoradas para caracteres que generen alimentos más nutritivos y saludables, con efectos positivos en las personas y el ambiente. Estas tecnologías son un complemento también para mantener o aumentar la tasa de mejoramiento genético para el rendimiento en grano de plantas cultivadas y su adaptación a múltiples geografías y condiciones ambientales. De esta manera, los agricultores y los consumidores pueden ser beneficiados por el acceso a los materiales genéticos que ofrecen un mayor potencial de rendimiento, tolerancia a condiciones de estreses bióticos y abióticos, y características positivas a nivel nutricional y del ambiente.

GENÉTICA DE CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS EN LA ERA POST GENÓMICA: LOGROS Y DESAFÍOS

Di Rocco F.¹. ¹IMBICE, Buenos Aires, Argentina.
fdirocco@imbice.gov.ar

Los camélidos sudamericanos comprenden dos especies silvestres, el guanaco y la vicuña, y dos especies domésticas, la llama y la alpaca. Desde su domesticación hace 6000 años, los camélidos han sido un medio de subsistencia para las poblaciones altoandinas. La llama ocupa, aún hoy, un importante rol económico y cultural en la puna argentina donde es criada para la producción de carne y fibra. El color de la fibra determina, junto con el diámetro, su valor comercial. La diversidad de colores que presentan las llamas es una de sus características fenotípicas más llamativa. En otros animales domésticos ya se han identificado la mayoría de las mutaciones genéticas responsables de los distintos colores de pelaje, pero en los camélidos aún no se conocen. El color es un carácter mendeliano sin influencia ambiental. Además, la ruta bioquímica de la síntesis de pigmentos es bien conocida y altamente conservada entre mamíferos. Esto hace que el estudio de genes candidatos resulte una metodología válida para identificar las mutaciones responsables de los diferentes fenotipos de color, sobre todo en especies cuyo genoma no ha sido secuenciado. El objetivo de esta exposición es presentar los avances en el conocimiento de la genética del color en llamas mediante esta estrategia y discutir cómo la reciente publicación de los genomas de las cuatro especies de camélidos y el surgimiento de las técnicas de secuenciación de tercera generación, acelerarán el descubrimiento de las bases moleculares detrás de la variación fenotípica.

APELLIDOS Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS POBLACIONES HUMANAS

Dipierri J.I. ¹Departamento de Genética y Bioantropología, Instituto de Biología de la Altura, Universidad Nacional de Jujuy, San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

jedjujuy@gmail.com

La estructura genética de las poblaciones humanas puede estudiarse con marcadores genéticos, pero también, cuando se tienen en cuenta una serie de asunciones y principios, con un sustituto no biológico de estructura poblacional, la distribución y frecuencia de los apellidos que permite mediante la aplicación del método isonímico, obtener una estimación de la consanguinidad poblacional, asumiendo que todos los individuos portadores del mismo apellido están emparentados al haber heredado este apellido de un antepasado común. Los apellidos constituyen en la actualidad un recurso metodológico importante de la genética de poblaciones humanas ya que permiten, al disponer de información de toda la población, tener una visión global del comportamiento genético y demográfico de la misma, visión que no siempre es posible lograr utilizando otros métodos más costosos, lentos o difíciles de aplicar en un número significativo o importante de individuos como los estudios basados en el análisis genealógico o en marcadores moleculares. La similitud o disimilitud de los perfiles de apellidos en cuanto a su distribución y frecuencia espacial y temporal, permite analizar la estructura genética isonímica de las poblaciones a distintos niveles de su organización administrativa, identificar áreas o subpoblaciones dentro de la misma y evaluar los efectos de la deriva y la migración en la historia de la población. Se presentarán los resultados alcanzados con esta metodología aplicada para analizar la estructura genético-isonímica de países, regiones, fronteras y metrópolis sudamericanas.

COMPORTAMIENTO MEIÓTICO: ¿QUÉ NOS MUESTRAN LOS SISTEMAS HOLOCINÉTICOS DE LOS ARTRÓPODOS?

Mola L.M.I. ¹Facultad Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires-IEGEB (CONICET-UBA).

lilimola@yahoo.com.ar

La meiosis es un tipo de división celular especializada que da lugar a la formación de gametos y comprende dos divisiones consecutivas sin duplicación de DNA entre ambas. Durante la primera división tienen lugar una serie de fenómenos exclusivos: sinapsis (apareamiento), recombinación (cuya expresión citológica son los quiasmas) y segregación de los cromosomas homólogos (división reduccional). Estas características generales se cumplen en los cromosomas monocéntricos. En los artrópodos con cromosomas holocinéticos se describieron algunas variaciones de este comportamiento. La primera división puede ser quiasmática reduccional (pre-reduccional) para los autosomas, mientras que los cromosomas sexuales son asinápticos y segregan de manera ecuacional (post-reduccional), como en los heterópteros. En la primera división los bivalentes pueden presentar quiasmas y dividirse ecuacionalmente, o sea, separando principalmente cromátidas hermanas en vez de homólogos, como en las libélulas y hembras de cóccidos. O bien los cromosomas pueden aparearse pero no presentar quiasmas y dividirse reduccionalmente en la primera división, como en escorpiones bítidos. Otra posibilidad es que los homólogos sean asinápticos en la primera división y se dividan ecuacionalmente, como en machos de cóccidos. Estos grupos de insectos y arácnidos presentan comportamientos meióticos particulares pero no modifican el producto final: la formación de gametos con reducción del número cromosómico de diploide a haploide y con nuevas combinaciones de genes como resultado de la recombinación intra- e intercromosómica.

Conferencia “Ewald A. Favret”

BIOTECNOLOGÍA MODERNA ¿APLICADA AL MEJORAMIENTO DE CEREALES?

Bossio, E.I. Instituto de Genética “E. A. Favret” (IGEAF), CICVyA, INTA. Buenos Aires, Argentina.
bossio.ezequiel@inta.gob.ar

Considerando el concepto básico de biotecnología que implica el empleo de organismos vivos para la obtención bienes o servicios útiles para el hombre, se identifican a lo largo de la historia una amplia lista de aplicación: desde la elaboración de cerveza hasta la utilización de enzimas recombinantes en la industria. Pero en las últimas décadas ha tomado relevancia una variante específica de la biotecnología: la biotecnología moderna, que incluye específicamente a la ingeniería genética y la transferencia de ADN. La biotecnología moderna ha tenido un gran impacto en la agricultura, a través del desarrollo de variedades novedosa en muchos de los principales cultivos: soja, maíz, canola y algodón entre los más destacados por la superficie sembrada. Como se observa, si bien la biotecnología moderna ha tenido un rol relevante en el mejoramiento de algunos cultivos, en otros en cambio la misma ha sido exigua. En este último grupo de cultivos podemos encontrar a prácticamente todos los cereales de producción: trigo, cebada, avena y centeno. Al momento no existen variedades comerciales de estos cereales mejoradas por biotecnología moderna. Una excepción es el maíz: cerca del 100% de la superficie sembrada corresponde a variedades genéticamente modificadas (GM). Esta presentación propone una revisión acerca de la contribución de la biotecnología moderna al mejoramiento de cereales, indagando al mismo tiempo sobre los posibles factores que determinan la situación descrita. Se analizará además si las nuevas herramientas biotecnológicas de reciente aparición podrían ofrecer un nuevo panorama para estos cultivos.
