

ESPACIO JOVEN

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA, CITOGÉNICA Y MOLECULAR DE POBLACIONES NATURALES DE *Chrysolaena flexuosa* (Sims) H. Rob. EN EL SUDESTE BONAERENSE

Echeverría M.L. Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP). Lugar de trabajo: FCA, UNMdP-EEA Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina.

E-mail: mlecheverria@mdp.edu.ar

Chrysolaena flexuosa (Sims) H. Rob. (Asteraceae, Vernoniaeae; $x=10$) es una especie nativa de Sudamérica de potencial valor ornamental, con citotipos diploides y poliploides. Para su incorporación en programas de mejoramiento genético es necesario contar con diversidad genética. Por eso, en muestras de siete poblaciones naturales de Argentina, de tres orígenes geográficos, se realizó la caracterización citogenética (n° cromosómico, contenido de ADN, tamaño y viabilidad de polen), fenotípica (cultivo *ex situ* en el SE bonaerense en dos ciclos de crecimiento y registro de caracteres cuali- y cuantitativos), y molecular (con AFLP). Se hallaron individuos $2x$, $4x$ y $6x$ según el origen, reduciéndose el tamaño genómico con la ploidía. Todas las poblaciones fueron variables para viabilidad y tamaño de polen y producción de polen, presumiblemente $2n$. Las poblaciones más australes fueron poliploides, con mayor tamaño de órganos y menor número que el resto. En el AMOVA, las diferencias entre origen geográfico no fueron significativas ($p=0,123$), explicándose el mayor porcentaje de la varianza molecular por la variación intra-poblacional (88,1%). La diferenciación genética entre poblaciones fue moderada ($F_{st}=0,11$), como en otras especies alógamas debido al flujo génico inter-poblacional. Se concluye que ploidía y latitud estarían relacionadas; la poliploidización sexual podría haber participado en el origen, establecimiento y expansión de las poblaciones naturales, y la diversidad genética detectada permitiría incorporar con éxito este germoplasma en programas de mejoramiento genético.

PLASTICIDAD FENOTÍPICA EN *Panicum coloratum*: VARIABILIDAD GENÉTICA, HEREDABILIDAD Y EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE LA PLASTICIDAD

Giordano M.C. Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires (FAUBA). Lugar de trabajo: EEA Rafaela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Santa Fe, Argentina.

E-mail: giordanomabel@gmail.com

Plasticidad fenotípica (PF) es la capacidad de un genotipo de generar diferentes fenotipos cuando es expuesto a diferentes ambientes. En plantas de uso agronómico como las forrajeras megatérmicas, la comprensión de diferentes aspectos de la PF constituye un aporte valioso para los planes de mejoramiento. Se realizaron experimentos controlados en invernadero con el objetivo de estudiar características de la PF morfológica frente a sequía a nivel de plántula en dos variedades de *Panicum coloratum*. Se analizó la variabilidad genética, y se estimó la heredabilidad en sentido estricto de la plasticidad fenotípica. También se estudió cómo las condiciones hídricas previas influyen la expresión de la PF. Se halló variabilidad genética entre variedades y dentro de accesiones en cada variedad. Se estableció que, la magnitud de la PF está relacionada con la variabilidad de las precipitaciones en los sitios de colecta de las accesiones analizadas. La heredabilidad de la PF fue siempre más baja que la heredabilidad de los caracteres. Se halló que la expresión de la PF puede ser influida por las condiciones hídricas previas y se detectó variabilidad entre los genotipos, tanto en la forma en que estas condiciones modifican la magnitud de la PF como en el tipo de carácter que la expresa. Estos resultados constituyen un avance en la identificación, cuantificación y comprensión de la variabilidad en las respuestas plásticas de especies forrajeras con aptitud de implantación en ambientes con restricciones hídricas; mejorando la ejecución y toma de decisiones en planes de mejoramiento.

ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL EN PAISAJES FRAGMENTADOS: UN ESTUDIO EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*)

Goncalves A.L. Facultad de Ciencias Naturales y Museo (FCNyM), Universidad Nacional de La Plata (UNLP).

Lugar de trabajo: Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas, Universidad Nacional de Misiones (UNaM-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), UNaM, Misiones, Argentina.

E-mail: alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

Los análisis espaciales de la variación genética poblacional se centran en la conexión entre los patrones de variación observados y los procesos espacio-temporales que los generan. El objetivo general del presente trabajo fue evaluar la estructura genética espacial (EGE) en un fragmento poblacional de curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) localizado en el sur de Misiones. Se analizaron 119 individuos: 60 adultos y 59 renovales mediante ocho *loci* microsatélites nucleares. Se caracterizó la diversidad genética y las diferencias en la estructura genética entre estadios, se determinó la EGE a escala fina, el tamaño de vecindario, las tasas de dispersión alélica y la estructura familiar, y se identificaron posibles cambios en el tamaño poblacional. El fragmento poblacional presentó una marcada EGE resultante de dispersión alélica restringida, la cual también explica los elevados niveles de estructuración genética y diferenciación alélica en renovales. La estructura familiar, caracterizada por renovales hermanos completos o medio-hermanos agrupados en el espacio resulta de una limitada movilidad de los propágulos, reclutamiento espacial de plántulas que comparten progenitores y un sistema de fecundación mixto que incluiría fecundación cruzada entre individuos emparentados y autopolinización. Los patrones de diversidad y estructura genética serían evidencias de expansión poblacional histórica del fragmento estudiado, mientras que la EGE sería consecuencia del sistema de fecundación, del tamaño de vecindario, de la mortalidad denso-dependiente y de la estructura familiar.

VARIACIÓN NATURAL DE LA TOLERANCIA A TEMPERATURAS EXTREMAS EN GIRASOL (*Helianthus annuus* L.) SILVESTRE Y CULTIVADO

Hernández F. Universidad Nacional del Sur (UNS). Lugar de trabajo: Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS-CONICET), Bahía Blanca, Argentina.

E-mail: fhernandez@cerzos-conicet.gob.ar

Las plantas invasoras, además de representar una amenaza ambiental y económica, son excelentes modelos para el estudio de la evolución rápida en respuesta a nuevas condiciones bióticas y abióticas. El girasol (*Helianthus annuus* L.) es una especie nativa de Norteamérica, que se introdujo en Argentina y se naturalizó y expandió por la zona central del país. El objetivo general de esta tesis fue evaluar la variación fenotípica para dormición y tolerancia a temperaturas extremas y analizar la diversidad y estructura genética de las poblaciones argentinas. Se utilizaron poblaciones colectadas en Argentina, poblaciones nativas y no-nativas de Australia provistas por el USDA y materiales cultivados. Todas las poblaciones silvestres utilizadas fueron geo-referenciadas y se utilizaron 19 variables climáticas para caracterizar el ambiente local. Se observó una gran divergencia entre biotipos silvestres y cultivados, de manera esperada para caracteres del fruto que fueron objetivo de la domesticación (dormición y tamaño), pero también en caracteres que no fueron, al menos de manera consciente, seleccionados durante la domesticación como la tolerancia a temperaturas extremas. Dentro del germoplasma silvestre, las poblaciones argentinas mostraron menor dormición y mayor tolerancia a estrés respecto a las poblaciones nativas y parte de estas diferencias fueron explicadas por características del ambiente local. Además, las poblaciones argentinas retuvieron la mayor parte de la variabilidad genética presente en Norteamérica, lo que ayuda a explicar la rápida adaptación local en Argentina.

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA INDUCIDA POR EL GENOTIPO MUTADOR DE CLOROPLASTOS DE LA CEBADA A TRAVÉS DE LA TÉCNICA DE *TILLING*

Lencina F. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN), Universidad de Buenos Aires (UBA). Lugar de trabajo: Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina.

E-mail: lencina.franco@inta.gob.ar

El aislamiento de mutantes inducidos en el plastoma a partir de tratamientos con mutágenos ha sido muy poco exitoso. Puede lograrse mediante el uso de mutantes portadores de genes mutadores como el mutador de cloroplastos de la cebada (*cpm*), el cual induce un amplio espectro de mutantes clorofílicas de herencia materna. Como una estrategia para identificar el gen nuclear *Cpm* responsable de la variabilidad genética, se buscó determinar el conjunto de los cambios moleculares a nivel del plastoma en plántulas *cpm* mediante una adaptación de la metodología *TILLING* (*Targeting Induced Local Lesions in Genomes*). Se analizaron 33 genes y algunas regiones intergénicas del plastoma en 184 plántulas *cpm* con deficiencias clorofílicas y/o cambios morfológicos. Se detectaron principalmente sustituciones e *indels* de hasta dos bases en microsatélites, además de cuatro *indels* de mayor tamaño. Tanto en estos cuatro *indels* grandes, como en el gen y en el pseudogen *rpl23*, se encontraron evidencias de eventos de recombinación ilegítima. El conjunto de los cambios puntuales observados, en especial la presencia de *indels* en microsatélites, y los eventos de recombinación ilegítima, indicaron fallas en el sistema de *mis match repair* (*MMR*) del ADN direccionado al cloroplasto. Finalmente, mediante el análisis de las secuencias de genes *MMR* de cebada se logró identificar la mutación en el gen candidato para *Cpm*. El *cpm* se muestra como una buena herramienta para el estudio de la reparación del ADN del cloroplasto y para la generación de variabilidad en el plastoma.

VARIACIÓN GENÉTICA Y ECOFISIOLÓGICA DE *Festuca pallescens* (ST. YVES) PARODI EN RELACIÓN A UN GRADIENTE PLUVIOMÉTRICO EN PATAGONIA NORTE

López A.S. Universidad Nacional del Comahue (UNCo). Lugar de trabajo: Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (IFAB, INTA-CONICET), San Carlos de Bariloche, Argentina.

E-mail: lopez.aldana@inta.gob.ar

En la región patagónica se conjugan una gran heterogeneidad ambiental y una alta presión de pastoreo histórica que, junto al cambio climático, imponen fuertes presiones ambientales sobre la vegetación natural. Los pastizales naturales son el principal recurso forrajero para el ganado doméstico (actividad productiva central de la región) y están en gran parte dominados por poáceas donde *Festuca pallescens* se destaca por su gran participación en la dieta de ovinos y caprinos, y su amplio rango de distribución natural. La domesticación de especies forrajeras nativas permite la mejora de la productividad y la recuperación de pastizales con ciertos niveles de degradación, para lo cual se requiere conocimiento de su variación genética y eco-fisiológica. En esta Tesis Doctoral se evaluó la variación genética y eco-fisiológica de poblaciones de *F. pallescens* en Patagonia Norte mediante marcadores moleculares, modelos umbrales y ensayos de estrés hídrico en ambiente común, con el fin de conocer su potencial adaptativo y generar conocimientos básicos para su domesticación. Estos abordajes interdisciplinarios permitieron establecer relaciones filogenéticas entre distintas especies del género e identificar un ecotipo de *Festuca* sp., explorar la variabilidad genética neutra, detectar adaptaciones locales asociadas a variaciones ambientales, y seleccionar poblaciones que se están evaluando en parcelas experimentales en campos productivos. Los conocimientos generados en esta Tesis sirvieron de base para el delineamiento del actual programa de domesticación y mejoramiento de esta especie.

ANÁLISIS MOLECULAR DE LA COHORTE ARGENTINA AFECTADA CON DISTROFINOPATÍA: DIAGNÓSTICO, ASESORAMIENTO GENÉTICO Y CARACTERIZACIÓN DEL GEN *DMD*

Luce L. Facultad de Farmacia y Bioquímica (FFyB), Universidad de Buenos Aires (UBA). Lugar de trabajo: Instituto de Inmunología, Genética y Metabolismo (INIGEM, UBA-CONICET), FFyB, UBA, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: leonelaluce@gmail.com

Las alteraciones moleculares en *DMD* se asocian al desarrollo de Distrofinopatías. Si bien no existe un tratamiento efectivo, se aprobaron 2 terapias mutación-dependiente: *Exon 51 Skipping (E51S)* y *Premature Termination Codón Readthrough (PTCR)*. Recientemente *DMD* ha sido relacionado con la malignización de tumores miogénicos. Nos centramos en la detección de mutaciones en *DMD* con el fin de confirmar el diagnóstico, seleccionar el protocolo terapéutico adecuado y detectar portadores/afectados. También buscamos establecer el rol de *DMD* en el desarrollo de tumores no miogénicos. Analizamos, mediante algoritmos personalizados, 200 niños con Distrofinopatía, 12 mujeres sintomáticas, 240 familiares y 15 prenatales. Examinamos niveles de expresión y mutaciones en *DMD* en tumores no miogénicos usando 59 μ arrays de expresión (GEO) y 9817 RNAseq (cBioPortal). Se confirmó el diagnóstico de Distrofinopatía en el 71,7% de los afectados, resultando 12 candidatos para *E51S* y 22 para *PTCR*. Se estableció el estado de portadora de 69 mujeres y se descartó a 132. Los prenatales resultaron 3 portadoras y 11 descartados de ser afectados/portadores. Detectamos 3 haplotipos cosegregantes de SNPs y establecimos una asociación entre los puntos de ruptura intrónicos de grandes rearrreglos y la abundancia de STRs. Además, demostramos que la expresión de *DMD* se encuentra alterada en tumores no miogénicos. Finalmente, caracterizamos una cohorte argentina de distrofinopatía, colaboramos con la prevención y responsable planificación familiar y corroboramos la implicancia de *DMD* en el desarrollo tumoral.

HETEROSIS EN *Paspalum notatum* TETRAPLOIDE: EVALUACIÓN DE SU OCURRENCIA, SU PREDICCIÓN Y TÉCNICAS DE MEJORAMIENTO

Marcón F. Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires (FAUBA). Lugar de trabajo: Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE - CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina.
E-mail: fmarcon91@gmail.com

Actualmente la hibridación es la técnica de mejoramiento más utilizada en *Paspalum notatum* Flügge para obtener híbridos apomícticos superiores. Sin embargo, su eficiencia es muy baja. Se evaluó la ocurrencia de heterosis en progenies híbridas de *P. notatum* tetraploide, en relación con las distancias genéticas entre progenitores, y la eficiencia del uso de selección recurrente basada en aptitud combinatoria (SRAC) y selección fenotípica recurrente (SFR), partiendo de una población tetraploide sintética sexual (PTSS). Se definieron grupos de cruzamientos entre progenitores con distancia genética baja, intermedia y alta mediante marcadores moleculares. Sus progenies fueron evaluadas para variables morfo-agronómicas. Se observó una relación significativa entre distancia genética y heterosis para tres de diez variables, por lo que los marcadores moleculares podrían ser utilizados para predecir la ocurrencia de heterosis. Se generaron dos poblaciones a partir de la PTSS, una mediante SFR y la otra a partir de SRAC. Individuos sexuales de ambas poblaciones fueron cruzados con genotipos apomícticos superiores. Ambas técnicas permitieron obtener progenies híbridas que fueron evaluadas por crecimiento estival y otoñal. La progenie SFR mostró mayor crecimiento estival y heterosis que la progenie SRAC. Para crecimiento otoñal fueron similares. La SFR fue igual o más eficiente que SRAC, ya que permitió obtener mayor o igual nivel de heterosis. Las técnicas empleadas permitieron explotar la heterosis en *P. notatum* principalmente por la acumulación de alelos favorables dominantes.

MAPEO POR ASOCIACIÓN DE RESISTENCIA A LA ENFERMEDAD MAL DE RÍO CUARTO EN GERMOPLASMA EXÓTICO DE MAÍZ

Rossi E.A. Facultad de Ciencias Exactas, Farmacéuticas, Químicas y Naturales (FCEFQyN), Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Lugar de trabajo: Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAP, UNRC-CONICET). Facultad de Agronomía y Veterinaria (FAYV), UNRC, Río Cuarto, Argentina.

E-mail: erossi@ayv.unrc.edu.ar

El Mal de Río Cuarto (MRC) es la enfermedad viral más importante del maíz (*Zea mays* L.) en Argentina. El uso de genotipos resistentes es el medio más económico, ambientalmente sustentable y efectivo para controlar enfermedades en cultivos extensivos. El objetivo del trabajo fue identificar regiones genómicas asociadas con resistencia a la enfermedad MRC en germoplasma de maíz exótico proveniente de CIMMYT. La evaluación fenotípica de 200 líneas de maíz de CIMMYT se realizó en cuatro ambientes del sur de Córdoba, Argentina. A partir de la observación de síntomas se estimaron los caracteres incidencia (INC) y severidad (SEV) de MRC. A partir de la caracterización genotípica disponible públicamente de las líneas, se seleccionaron 78.376 SNPs. El mapeo por asociación se realizó mediante un modelo mixto multi-carácter, multi-ambiente. El germoplasma mostró variabilidad genotípica para INC y SEV de MRC y el modelo multi-carácter, multi-ambiente indicó correlación genética positiva entre los caracteres. Seis loci asociados significativamente con INC y SEV, identificados en los cromosomas 2, 3, 4 y 6, mostraron efectos consistentes a través de los ambientes de evaluación. Además, dos loci asociados solo con SEV se identificaron en el cromosoma 8. La co-localización de loci para INC y SEV sugiere una base genética común para ambos caracteres. La identificación de estos alelos exóticos es un resultado promisorio en la selección de líneas de maíz de CIMMYT que pueden ser incorporadas a los programas locales para favorecer el incremento de resistencia a MRC en los genotipos híbridos.
