

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

POPULATION GENETICS AND EVOLUTION

Humanos / Humans

GPE 1

FRECUENCIAS DE VARIANTES ASOCIADAS A ENFERMEDADES CARDIOVASCULARES Y DIABETES MELLITUS DOS EN CUATRO COMUNIDADES INDÍGENAS COLOMBIANAS

Molina Campos, D.F.¹, C. Rubio Vargas¹, C.J. Puentes¹, Á. Criollo Rayo¹, M. Bohorquez¹, M. Echeverry¹. ¹Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Colombia. meboloz@gmail.com

Los polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) son marcadores que brindan información sobre la diversidad genética y, al mismo tiempo, son útiles para establecer diferencias interpoblacionales, especialmente cuando se estudian grupos étnicos como las comunidades indígenas. Algunas de estas variantes han sido asociadas a enfermedades cardiovasculares (ECVs) y diabetes mellitus 2 (DM2) mediante GWAS. Teniendo esto en cuenta, se planteó determinar la frecuencia de estos marcadores en las etnias indígenas Embera (EMB), Nasa (NAS), Pijao (PIJ) y Wayúu (WAY) de Colombia. Se exploraron los datos de una genotipificación previa de los 26 individuos menos consanguíneos de cada comunidad (n=96), para analizar las variantes comunes (MAF>5%) con un *array* Axiom™ (Applied Biosystems™). Mediante PLINK, se determinaron las frecuencias alélicas interpoblacionales, que fueron comparadas con poblaciones continentales de referencia (EUR: europea, AFR: africana, LAT: latinoamericana), usando dbSNP. Se detectaron SNPs asociados a DM2 como: rs1799999 (*PPP1R3A*), rs2059806 y rs2059807 (*INSR*); y otros asociados a ECVs: rs1801702 (*APOB*), rs9349379 (*PHACTR1*), rs17609940 (*ANSK1A*), rs1412444 (*LIPA*), rs964184 (3'-UTR *ZIPR1*), rs12936587 (*RAI1*). Al comparar con poblaciones de referencia, el rs1799999-A fue el único cuya frecuencia en las etnias indígenas fue superior (WAY=0,5; EMB=0,45; PIJ=0,35; NAS=0,3; EUR=0,10; AFR=0,19; LAT=0,22). Estos resultados permiten perfilar las variantes y genes que podrían influenciar la susceptibilidad a ECVs y DM2 en la población indígena colombiana. Es necesario complementar esta información con otros análisis, pues la mayoría de estas variantes tienen un efecto incierto en la actualidad.

GPE 2

IDENTIFICACIÓN Y VALIDACIÓN DE NUEVOS Y-SNPs QUE DEFINEN SUBLINAJES DE Q-M3 EN COMUNIDADES INDÍGENAS DE COLOMBIA

Espitia Fajardo M.N.¹, N. Rivera Franco¹, Y.A. Braga Gomez¹, G. Barreto Rodriguez¹. ¹Ciencias Naturales y Exactas, Biología, Universidad Del Valle, Colombia. marisol.espitia@correounivalle.edu.co

El poblamiento de las Américas es uno de los temas más debatidos a nivel de estudios evolutivos. Sin embargo, aún es escasa la información para inferir sobre la dinámica demográfica, rutas migratorias y posible lugar de origen, por ello, la región no recombinante del cromosoma Y se perfila como una herramienta fundamental para estos estudios, pues posee marcadores informativos, como los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), útiles para hacer inferencias históricas. La mayoría de los nativos Amerindios han sido asignados al haplogrupo Q-M3 del cromosoma Y, por lo tanto, es importante tener una mayor diferenciación y estructuración de estos linajes. El objetivo de este trabajo fue identificar y validar nuevas variantes que permitan evaluar relaciones filogenéticas y aumentar la resolución del haplogrupo Q-M3 y que, a su vez, proporcionen información para abordar aspectos demográficos. Con este fin, se analizaron 14 nuevas variantes obtenidas de la secuenciación de nueva generación (NGS) de dos cromosomas Y de indígenas de la Amazonía colombiana pertenecientes a Q-M3; y cinco variantes reportadas en estudios previos por otros autores. Para la validación de estos SNP en las poblaciones del estudio compuestas por 235 muestras provenientes de la Amazonía, centro, suroccidente y caribe colombiano, se utilizó el método de PCR alelo específica, mediante la ausencia o presencia del alelo derivado de las variantes. Los resultados lograron establecer 17 linajes nuevos dentro de Q-M3, incluyendo sus paragrupos. Los nuevos SNPs reportados aquí permiten incrementar los sub-haplogrupos de Q-M3 (se propone un nuevo árbol Q-M3) con una potencial mejora del nivel de resolución filogenética.

GPE 3**ANÁLISIS DEL APORTE AMERINDIO EN UNA MUESTRA POBLACIONAL DE LA CIUDAD AUTÓNOMA DE BUENOS AIRES**

Gagliardi F.¹, L. Rabitti¹, N. Furman¹, C. Vélez¹, M. Canteros¹, R.L. Fernández¹, T. Samsonowicz¹, M. Lungman¹, P. González Giqueaux¹, M. Herrera Piñero¹. ¹Banco Nacional de Datos Genéticos, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. florliga@yahoo.com.ar

La conformación genética de Argentina es el resultado del aporte de tres elementos continentales principales: la población nativo americana, los contingentes europeos -principalmente masculinos- luego de la conquista española y la población africana traída como mano de obra esclava. Luego, se modificó con la inmigración de ultramar de fines del siglo XIX e inicios del XX, mayormente europea, y a partir de 1940, con una migración interna hacia los centros urbanos. En estos procesos, el mestizaje tuvo una marcada tendencia sexo asimétrica, permitiendo una elevada conservación de linajes maternos autóctonos, contrario a lo acontecido con los paternos. Con el objetivo de analizar el aporte amerindio en la población de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires, se analizó la Región Control del ADN mitocondrial y la región no recombinante del cromosoma Y de 245 muestras hemáticas correspondientes a individuos de sexo masculino, no relacionados entre sí, que residen en la misma. Los linajes paternos mostraron una elevada contribución genética de raíces euroasiáticas (93,0%), procedentes principalmente de España e Italia. El aporte amerindio paterno asociado al haplogrupo Q fue del 3,3% y el africano del 3,7%. Contrariamente, el estudio de los linajes maternos, evidenció un componente nativo americano mayoritario (66,1%), seguido del euroasiático (30,2%) y africano (3,7%). La mayor presencia de linajes originarios por vía materna, respecto a la paterna, concuerda con un modelo donde se da principalmente el cruzamiento de mujer nativa con varón de otro origen, lo cual ha sido ampliamente observado en la historia de las corrientes migratorias argentinas.

GPE 4**ORIGEN GENÉTICO DE LA POBLACIÓN SHUAR EN ECUADOR: ADN AUTOSÓMICO, ADN MITOCONDRIAL Y ADN DEL CROMOSOMA Y**

Leone P.E.¹, C. Paz-y-Miño^{1,2}. ¹Sociedad Ecuatoriana de Genética Humana, Ecuador; ²Academia Ecuatoriana de Medicina, Ecuador. peleone@yahoo.com

Ecuador es un país que cuenta con gran número de grupos indígenas, entre ellos la nacionalidad Shuar, un grupo conservado por factores geográficos, lingüísticos y culturales. El objetivo de este trabajo fue establecer el origen genético de la población Shuar. Se analizaron 46 AIM-InDels, 17 Y-STR de hombres, y se secuenciaron las regiones HV1 y HV2 del ADN mitocondrial de 55 individuos no emparentados por apellidos y árbol genealógico, después de la firma del consentimiento informado, pertenecientes a las comunidades Shuar de Kumbatza y Yukateis de la parroquia Huambi, Cantón Sucúa de la provincia de Morona Santiago. Los resultados de microsatélites autosómicos mostraron un desvío al equilibrio Hardy-Weimberg debido a la endogamia; en el estudio del ADN del cromosoma Y se encontró el haplogrupo Q original de América y en el análisis del ADN mitocondrial se determinó el haplogrupo B que corresponde a población nativoamericana. Los marcadores de ancestría determinaron que la etnia Shuar tiene un componente nativoamericano del 98,7%, y la presencia de los haplogrupos fundadores de los nativoamericanos evidencia que ha sido una población conservada sin mezclas con los grupos europeos y afrodescendientes del Ecuador.

GPE 5

ANÁLISIS DE LOS POLIMORFISMOS *CYP2D6*4* Y *CYP2D6*10* EN POBLACIÓN MESTIZA Y AFRODESCENDIENTE DEL SUR DE COLOMBIA

Pitalua A.¹, F. Rondón¹, L. Cifuentes². ¹Bucaramanga, Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander, Colombia; ²Pasto, Grupo GIOD, Universidad Cooperativa de Colombia, Colombia. shirley.pitalua@correo.uis.edu.co

Polimorfismos en el gen *CYP2D6* causan diferencias en la forma como los individuos reaccionan ante la administración de la misma concentración en un fármaco; dentro de los polimorfismos de este gen se destacan *CYP2D6*4* y *CYP2D6*10* que conllevan a una actividad enzimática nula y disminuida, respectivamente. La frecuencia de estos polimorfismos varía dependiendo de la población; la población colombiana se compone de una mezcla de poblaciones americanas, caucásicas y africanas, por eso, se podrían encontrar diferencias en las frecuencias de los polimorfismos dependiendo de la contribución étnica de cada una. El objetivo de este trabajo fue determinar la distribución de los polimorfismos *CYP2D6*4* y *CYP2D6*10* en una población afrodescendiente (n=75) y en una población mestiza (n=75) del sur de Colombia. Se tomaron muestras de sangre, se extrajo ADN, se amplificó cada polimorfismo y se genotipificó con enzimas de restricción. Se calcularon las frecuencias alélicas y se evaluó el equilibrio Hardy-Weinberg. En este estudio se reportaron por primera vez las frecuencias de los polimorfismos *CYP2D6*4* y *CYP2D6*10* para una población afrodescendiente en Colombia, al igual que para una población mestiza del sur país. Adicionalmente, en este trabajo se encontraron diferencias en las frecuencias de estos polimorfismos con respecto a las reportadas en la literatura para otras poblaciones. Estos resultados contribuyen al conocimiento farmacogenómico de la población colombiana.

CONADI-UCC (INV2085)

GPE 6

ANCESTRÍA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE CUATRO ETNIAS COLOMBIANAS: PIJAO, NASA-PAÉZ, WAYUÚ Y EMBERA-KATIOS

Puentes C.J.¹, M. Bohórquez Lozano^{2,3}, L. Carvajal Carmona⁴, M.M. Echeverry De Polanco¹. ¹Facultad de Ciencias, Departamento de Biología, Universidad del Tolima, Grupo de Citogenética, Filogenia y Evolución de Poblaciones, Colombia; ²Unidad de Genética forense, Universidad de Santiago de Compostela, Instituto de Ciencias Forenses "Luis Concheiro", Santiago de Compostela, España; ³Universidade de Santiago de Compostela, Fundación Pública Galega de Medicina Xenómica (SERGAS) -CIBERER, Santiago de Compostela, España; ⁴Genome Center, Department of Biochemistry and Molecular Medicine, School of Medicine, University of California, Davis, California, USA. cjavierpuentes@ut.edu.co

Gracias a su ubicación en el noroccidente suramericano, Colombia se convirtió en un corredor para las migraciones amerindias que poblaron esta parte del continente, por esta razón existen diversas etnias a lo largo del territorio nacional que, gracias a la autonomía y el autogobierno que les confieren las leyes, han podido conservar mucho de su cultura y ancestría genética amerindia. Colombia a pesar de tener una gran cantidad de etnias amerindias, aun no se conoce el grado de diversidad genética entre ellas. El objetivo de este trabajo fue establecer las ancestrías –asiática, europea y africana- en cuatro grupos de 24 individuos (Wayuú, Nasa-Páez, Pijao y Embera-Katios), para diferenciar sus estructuras genéticas. Se construyeron los pedigrís de las familias participantes de las cuatro etnias y, con base en las entrevistas, se seleccionaron los 24 individuos menos consanguíneos de cada etnia. Se realizó la tipificación, con el panel "Axiom SpainBA". Se establecieron las frecuencias y se establecieron diferencias tanto interpoblacionales como intercontinentales. Las cuatro etnias se relacionan principalmente con las poblaciones amerindias de referencia y son cercanas a las asiáticas del este y sur. La mayor porción de ancestría nativa americana, correspondió a los Nasa-Páez y Embera-Katios; los Pijao y Wayuú son los más mezclados. Las poblaciones Nasa-Páez y Embera-Katios son las de mayor conservación de la ancestría amerindia; las poblaciones Pijao y Wayuú constituyen el grupo indígena más diverso. Las etnias indígenas del estudio tienen una estructura genética diferente, esto puede corresponder a una posible influencia de la historia demográfica.

Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación (MINCIENCIAS); Oficina de Investigaciones de la Universidad del Tolima

GPE 7

ANÁLISIS DE LOS MICROSATÉLITES AUTOSÓMICOS DE UNA MUESTRA DE LA POBLACIÓN URUGUAYA CON FINES FORENSES

Silva L^{1,2}, N. Sandberg², B. Bertoni¹. ¹Facultad de Medicina, Departamento de Genética, Universidad de la Republica, Uruguay; ²Laboratorio Registro Nacional de Huellas Genéticas, Dirección Nacional de Policía Científica, Ministerio del Interior, Uruguay. silvaorgen.lorena@gmail.com

En el ámbito forense, los marcadores STR (microsatélites) autosómicos son ampliamente utilizados por su alto poder de discriminación, permitiendo identificar a personas involucradas en procesos judiciales. Debido a que en la actualidad no se cuenta con un análisis de caracterización y variabilidad genética de la población uruguaya que incluya los 20 marcadores STR autosómicos recomendados por el FBI para su uso en el software CODIS, se procedió a realizar una caracterización de 23 marcadores STR autosómicos, mediante el sistema PowerPlex® Fusion 6C System en una muestra poblacional uruguaya de 4.000 individuos tomados al azar, con el objetivo de su aplicación en el ámbito forense. Se realizó un análisis de subestructuración de la población, se comparó a la población uruguaya con las distintas poblaciones que el software CODIS tiene a disposición mediante un análisis de componentes principales (PCA), y se realizó un análisis de mestizaje a partir de los marcadores STR autosómicos. Los análisis realizados indicaron que la población uruguaya se encuentra en equilibrio de Hardy-Weinberg para 22 de los STRs analizados, presentando patrones estadísticos forenses deseables. Se observó una alta heterocigosidad; alta diversidad alélica, aumentando así el poder de discriminación y disminuyendo la probabilidad de coincidencia de la muestra. El número más probable de subpoblaciones o grupos genéticos fue de 2 y presentó gran similitud con la población caucásica e hispana que utiliza CODIS. En el análisis de mestizaje los resultados concuerdan con trabajos previos realizados con diferentes marcadores genéticos; manteniéndose la contribución genética parental proveniente de europeos, africanos y amerindios.

GPE 8

MEMBRANE PROTEINS UNDER SELECTIVE PRESSURE CHARACTERIZE A NEW *Helicobacter pylori* SUBPOPULATION IN COLOMBIA

Guevara-Tique A.¹, R.C. Torres², F. Castro-Valencia¹, J.J. Suarez Olaya¹, A. Criollo-Rayo¹, M.M. Bravo³, L. Carvajal Carmona⁴, M. Echeverry de Polanco¹, M.E. Bohórquez Lozano⁵, J. Torres². ¹Grupo de Investigación en Citogenética, Filogenia y Evolución de Poblaciones, Facultad de Ciencias y Ciencias de la Salud, Universidad del Tolima, Tolima, Colombia; ²Unidad de Enfermedades Infecciosas, Instituto Mexicano del Seguro Social, México; ³Laboratorio de Inmunología, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá, D.C., Colombia; ⁴Genome Center, Department of Biochemistry and Molecular Medicine, School of Medicine-University of California, Davis, California, USA; ⁵Programa de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Tolima, Tolima, Colombia. uimeip@gmail.com

Helicobacter pylori have coevolved with man since its origins, adapting to different human groups. In Colombia, it has been suggested the presence of national gene pools and new subpopulations. In this study, 163 Colombian strains and 1,113 strains from the populations and subpopulations of *H. pylori* described worldwide were analyzed to better discern the ancestry of this bacterium in Colombia, with respect to ancestral strains from other regions. The analysis of the phylogenetic relationships was carried out from the complete genome and the SNPs present in the constitutive genome analysis. We estimated the population structure from the SNPs present in the constitutive genome and conducted chromosome painting to identify the proportion of ancestry of Colombian isolates. Finally, we made a F_{ST} analysis to identify genetic variants that characterized a new Colombian subpopulation that was proposed in this study, focusing on allele frequency differences with *hspSWEurope*, its parent population. In phylogenetic analysis, the Colombian strains were grouped into four well-differentiated clades. The population structure analysis allowed the identification of two specific subpopulations (*hspSWEuropeColombia* and *hspColombia*) and the presence of three possible subpopulations within *hspColombia*. A contribution of European, African, Amerindian, and Asian donors was observed in addition to the presence of autochthonous ancestry components within each subpopulation. A total of 82 sites with significant F_{ST} values were identified in 26 genes, of which 20 encode membrane proteins including *hofC*, *hopF*, *hopE*, and *horB*. Furthermore, 48 of these SNPs generate non-synonymous substitutions of amino acids in the protein for which the gene encodes.

MINCIENCIAS and Departamento del Tolima (Graduate Studentship, Convocatory 755/2016); MINCIENCIAS, convocatories, 850 and 874 (Young Investigator, 850/2019-874/2020)

Animales / Animals

GPE 9

ESTUDIO DEL GEN CITOCROMO B EN EL GÉNERO *Caiman* EN AMÉRICA CENTRAL Y DEL SUR: INFERENCIAS FILOGENÉTICAS

Amavet P., G. Pacheco Sierra², M.M. Uhart³, W.S. Prado⁴, P. Siroski⁵.
¹Facultad de Humanidades y Ciencias, Laboratorio de Genética-Departamento de Ciencias Naturales, Universidad Nacional del Litoral/CONICET, Argentina; ²Facultad de Ciencias, Unidad de Biología de la Conservación PCTY, UMDI-Sisal, Universidad Nacional Autónoma de México, México; ³School of Veterinary Medicine, Karen C. Drayer Wildlife Health Center, University of California, Estados Unidos; ⁴Dirección Nacional de Biodiversidad, Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible, Argentina; ⁵Facultad de Ciencias Veterinarias, Laboratorio de Ecología Molecular Aplicada (LEMA-ICIVET-CONICET), Universidad Nacional del Litoral, Argentina. pamavet@fhuc.unl.edu.ar

El género *Caiman* es uno de los más conflictivos taxonómicamente entre los cocodrilianos debido a diferentes posturas acerca de la posición filogenética de *Caiman crocodilus* respecto de las especies de este género presentes en Argentina: *C. latirostris* y *C. yacare*. En este trabajo obtuvimos 62 secuencias del gen citocromo b de *C. latirostris* y 35 secuencias de *C. yacare* provenientes de ejemplares de su área de distribución en Argentina. El número de haplotipos (n), diversidad de haplotipos (h), número de sitios segregantes entre secuencias (S), diversidad nucleotídica (π) y datos de estructura, se calcularon empleando el programa DnaSP. Los resultados muestran, comparativamente, valores menores de diversidad para *C. latirostris* ($n=25$, $h=0,8458$, $S=55$ y $\pi=0,00984$) y menor grado de estructura ($F_{ST}=0,00195$) respecto de *C. yacare* ($n=13$, $h=0,836$, $S=35$, $\pi=0,00481$; $F_{ST}=0,283$) teniendo en cuenta que el N analizado fue de 62 para *C. latirostris* y 35 para *C. yacare*. Para estudiar relaciones filogenéticas dentro del género se obtuvieron secuencias de *C. crocodilus*, *C. crocodilus fuscus*, *C. crocodilus chiapasus*, *C. latirostris* y *C. yacare* a partir de bases de datos públicas, correspondientes a su rango de distribución en América Central y del Sur, y se analizaron utilizando Beast v.1.8.4, empleando el modelo de sustitución HKY+G, e incluyendo una secuencia de *Alligator mississippiensis* como outgroup. Los resultados muestran clados conformados por secuencias de cada una de las especies, y otro conformado por muestras de *C. yacare*, de *C. crocodilus* y sus subespecies. Estos datos indican la necesidad de desarrollar, en el futuro, estudios interdisciplinarios de estas especies para clarificar su status taxonómico.

GPE 10

USO DE DATOS MORFOLÓGICOS Y MOLECULARES PARA ESTIMAR LA HEREDABILIDAD EN AVES DEL GÉNERO *Ramphocelus*

Beltrán Toledo T., M. Peñuela Aristizábal², F. Rondón González¹. ¹Facultad de Ciencias, Biología, Grupo de Investigación en Microbiología y Genética, Universidad Industrial de Santander, Colombia; ²Facultad de Ciencias, Grupo de Investigación en Microbiología y Genética, Universidad Industrial de Santander, Colombia. tianabeltran19@gmail.com

La heredabilidad en sentido estricto (h^2) es la proporción de varianza fenotípica debida a la varianza aditiva entre individuos de una población y su valor puede obtenerse analizando el parecido entre parientes, aspecto que requiere medidas de datos generacionales además de largos periodos de tiempo para obtener información. El uso de marcadores moleculares puede ser una alternativa para obtener dicho parentesco. El objetivo del presente fue cuantificar la h^2 de rasgos morfométricos de dos especies de aves del género *Ramphocelus*, evaluando su parentesco con genotipos identificados con cinco microsatélites heterólogos. En 45 individuos de *R. dimidiatus* y 25 de *R. icteronotus* se evaluaron los rasgos: longitud de cuerpo, envergadura, ala, cola, tarso, dedo y culmen, y además, peso, alto y ancho del pico. Para cada especie se estimó el coeficiente de consanguinidad (F) en Arlequín, el coeficiente de parentesco (r) con Coancestry y la heredabilidad en Rstudio. Las parejas de individuos sin relación de parentesco en *R. dimidiatus* fueron 70% y en *R. icteronotus* fueron 62%, siendo el coeficiente F de 0,1529 y 0,0937, respectivamente. En *R. dimidiatus*, los rasgos alto del pico, longitud del dedo y del tarso presentaron valores de h^2 de $0,76\pm0,018$, $0,24\pm0,024$, $0,07\pm0,018$, respectivamente, mientras en *R. icteronotus* el 30% de los rasgos presentaron $h^2=0$, destacándose longitud de dedo ($h^2=0,93\pm0,039$), de cola ($h^2=0,70\pm0,031$) y de ala ($h^2=0,29\pm0,031$) como las estimas más altas. La información morfométrica y molecular permitió conocer cómo varía la h^2 de los rasgos en las especies estudiadas.

GPE 11

DETERMINACIÓN DEL SEXO POR CITOMETRÍA DE FLUJO EN DOS ARAÑAS LOBO QUE HABITAN LAS COSTAS URUGUAYAS

Bidegaray-Batista L¹, M. González², F. Santiñaque³, N. Kacevas^{1,2}. ¹Departamento de Biodiversidad y Genética, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; ²Departamento de Ecología y Biología Evolutiva, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; ³Servicio de Citometría de Flujo y Clasificación Celular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay. letigaray@yahoo.com

La identificación del sexo en estadios tempranos del desarrollo de muchos animales es de gran interés para estudios en biología evolutiva. Las arañas presentan mayoritariamente un sistema de determinación del sexo X1X20, pero determinar a qué sexo pertenece un individuo no es posible hasta la etapa adulta. Las arañas lobo *Allocosa marindia* y *Allocosa senex* viven en arenales costeros del sur de Sudamérica y presentan inversión de roles sexuales. Estudios de laboratorio y campo sugieren un fuerte sesgo en la proporción sexual a favor de las hembras en *A. marindia* pero no en *A. senex*. Nos planteamos determinar el contenido de ADN por citometría de flujo en hembras y machos de ambas especies, y analizar si la diferencia encontrada es suficiente para determinar con esta técnica el sexo. El contenido de ADN se determinó a partir de tejido fresco mediante tinción con Ioduro de Propidio. Se utilizó como estándar de referencia tejido de la planta de tomate *Lycopersicon esculentum*. La diferencia del contenido de ADN 2C entre los sexos fue 0,24 pg (4,84%) en *A. marindia* y 0,20 pg (4,39%) en *A. senex*, superando lo esperable por variaciones en la linealidad del citómetro en cada medición (± 0.05 pg), lo que señala a esta técnica como promisoría para el sexado en ambas especies. Nos encontramos poniendo a punto la técnica para el sexado de crías de diferentes madres, esto nos permitirá confirmar las diferencias reportadas entre las proporciones sexuales de ambas especies e investigar sobre los mecanismos que las causan.

Programa de Desarrollo de Ciencias Básicas;
Sistema Nacional de Investigadores, ANII
FCE_1_2017_1_136269, ANII; Dr. Carlos Carbajal
Campi; FAICE GENBIO

GPE 12

VARIACIONES FENOTÍPICAS DE *Aedes aegypti* Y SU RELACIÓN CON VARIABLES AMBIENTALES DE ÁREAS ENDÉMICAS DE DENGUE EN PARAGUAY

Britos Molinas M.B.¹, A. Rojas De Arias¹, E. Gayozo Melgarejo². ¹Centro para el Desarrollo de la Investigación Científica (CEDIC), Paraguay; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. milebritos011@gmail.com

El dengue en Paraguay es una enfermedad endémica transmitida por el vector *Aedes aegypti*, varios estudios sugieren que las condiciones climáticas podrían tener relación con la presencia de casos de dengue, así como con estadios larvarios del vector. El objetivo principal de este estudio fue establecer relaciones entre las variaciones fenotípicas de *Ae. aegypti* provenientes de cuatro poblaciones y variables ambientales (temperatura, humedad relativa, NDVI, NDWI). Se evaluaron 11 caracteres fenotípicos morfométricos y las alas fueron estudiadas mediante morfogeometría; los datos ambientales fueron obtenidos de Earth Engine y estaciones meteorológicas locales. Los datos fueron analizados mediante el Análisis de Componentes Principales, Análisis Discriminante y Análisis de Correspondencias, y se estimó el grado de correlación entre variables. Las diferencias morfológicas entre sexos se relacionaron al tamaño y a la longitud de tarsos, abdomen y probóscide. En hembras se registraron variaciones en las alas izquierda y derecha en la vena subcostal, radial, vena anal, alula, cubital posterior, radial medial 1, radial medial 2, radial medial 3 y radial medial 4, evidenciándose cierta estructuración fenotípica entre las poblaciones de hembras. Se observó una correlación negativa con la temperatura y una correlación positiva con la humedad relativa con los caracteres fenotípicos morfométricos; la morfogeometría de las alas no demostró correlación alguna con datos ambientales. Los resultados sugieren que la variabilidad fenotípica observada en los caracteres morfométricos evaluados en las poblaciones podría estar influenciada directamente por la temperatura y la humedad relativa de la zona, como respuesta adaptativa de los individuos a dichas condiciones.

GPE 13

DEMOGRAPHY AND EVOLUTION OF *Sapajus libidinosus* FROM SERRA DA CAPIVARA NATIONAL PARK: FIRST FINDINGS

Bueno Landau L.J.¹, C. Cantele¹, T. Lima¹, B.S.O. Fam¹, T. Falótico², M.C. Bortolini¹. ¹Instituto de Biociências, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil; ²Psychology, School of Arts, Sciences and Humanities, University of São Paulo, Brasil. lulandau94@gmail.com

Sapajus libidinosus individuals from Serra da Capivara National Park (SCNP), Caatinga biome, are known for their tool use for at least 3,000 years, indicating the existence of a local stable and adaptive culture. We sequenced the mtDNA gene *CYTB* of *S. libidinosus* individuals (N=30) from SCNP. We identified their phylogenetic relationship with other Platyrrhini species using BEAST with nine calibration points based on fossil data. The population and demography histories were analyzed using the Median Joining Network, Bayesian Skyline Plot analyzes, and Tajima's D and Fu's Fs tests. We also genotyped ten microsatellite loci (Ceb03, Ceb8, Ceb09, Ceb11, Ceb115, Ceb119, Ceb120, Ceb121, Ceb128, Ceb130) already described for *Cebus capucinus* by other authors. The analysis of *CYTB* revealed that all the individuals appear in the phylogenetic tree in the expected position concerning other primates, closer to *Sapajus flavius*. We did not found hybrids with other *Sapajus* species, but due to the nature of the mtDNA, this phenomenon cannot be ruled out if there are asymmetric intercrosses. Other tests indicated a relatively recent expansion (>10,000 years ago) which coincides with the development of culture in SCNP and with the time in which the semi-arid climate in the Caatinga was established (6,000–2,000 years ago), suggesting that these events can be related. Our preliminary data for the microsatellites (N=5) indicated that all loci are polymorphic for this species. Our study provides the first account of the demographic history of *S. libidinosus* from SCNP and describes new microsatellites not yet reported for this species.

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

GPE 14

EVALUACIÓN DE LA UTILIDAD DE MARCADORES MICROSATÉLITES EN LA POBLACIÓN AVÍCOLA RUSTIPOLLOS

Castro Rojas L.A.¹, E. Gayozo², N. Méndez³. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Departamento de Genética y Zootecnia., Universidad Nacional de Asunción, Paraguay; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay; ³Facultad de Ciencias Veterinarias, Departamento de Recursos Faunísticos y Medio Natural, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. lcastro@vet.una.py

Los marcadores moleculares son una herramienta de gran utilidad para estudios de diversidad genética, que permite identificar poblaciones con características genéticas particulares, para así establecer programas de conservación y mejoramiento genético. El objetivo de este estudio fue evaluar el grado de información generada por un panel de 30 marcadores microsatélites en la población avícola Rustipollos. Se obtuvieron muestras de sangre de 50 individuos (27 machos y 23 hembras), la amplificación de fragmentos se realizó mediante PCR tiempo final, utilizando 30 microsatélites recomendados por la FAO-ISAG para estudios de biodiversidad en gallinas. La estimación de los tamaños de los fragmentos se realizó en secuenciador automático ABI Prism 377. Fueron determinados el número de alelos por locus y el Contenido de Información Polimórfica (PIC), mediante el programa Microsatellite-Toolkit. El número total de alelos reportado fue de $99 \pm 1,06$, con un valor mínimo de dos y máximo de seis alelos por locus. La determinación del PIC registró un promedio de 0,60, con un rango de 0,18 a 0,76 en los marcadores MCW016 y ADL278, respectivamente. El 43% de los marcadores empleados resultaron altamente informativos para la población evaluada. En general, los marcadores microsatélites demostraron ser útiles para estudios genéticos en la población avícola Rustipollos.

CONACYT (Paraguay), Programa PROCIENCIA, FEEL.

GPE 15

DIVERSIDAD GENÉTICA A PARTIR DE SECUENCIAS GÉNICAS MITOCONDRIALES DE LA AMAZILIA FRENTIAZUL *Saucerottia cyanifrons* (TROCHILIDAE), ESPECIE ENDÉMICA DE COLOMBIA

Celis Hernández K.J.¹, F. Rondón González¹. ¹Facultad de Ciencias, Escuela de Biología, Grupo de Investigación en Microbiología y Genética, Universidad Industrial de Santander, Colombia. yuyisch10@hotmail.com

Los análisis de diversidad genética de la avifauna colombiana permiten incrementar el conocimiento de la genética poblacional de esta, pese a ser escasos, particularmente en especies endémicas. *Saucerottia cyanifrons* o Amazilia Frentiazul, es una especie endémica de colibrí presente en Colombia, con preocupación menor según la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN) y de la cual no se tiene información, especialmente en aspectos genéticos poblacionales. Teniendo en cuenta lo anterior, el objetivo de este trabajo fue analizar la diversidad genética de *S. cyanifrons* a partir de secuencias génicas mitocondriales. Para esto se extrajo ADN, se amplificó por PCR y se secuenció el gen *ND2* de especímenes muestreados en diferentes localidades asociadas a agroecosistemas andinos presentes en el departamento de Santander, Colombia. Una vez las secuencias fueron editadas, se estimaron diferentes parámetros y se evaluó una hipótesis de diferenciación genética poblacional. En 35 secuencias de 941 pb se detectaron 21 sitios polimórficos y se caracterizaron 22 haplotipos, dos de ellos compartidos. La diversidad nucleotídica (π) y haplotípica (h) fue contrastante y el AMOVA mostró que el 91,18% de la variación se debe a los individuos dentro de las poblaciones y el 8,82% de la variación restante, entre poblaciones, evidenciando poca diferenciación genética soportada por $\Phi_{ST} = 0,08823$ ($p=0,02763 \pm 0,00052$). Se concluye que *S. cyanifrons* constituye una metapoblación con poca diferenciación genética en las localidades estudiadas. Esta contribución es el primer aporte al estudio de la diversidad genética de esta especie de colibrí endémico de Colombia.

Vicerrectoría de Investigación y Extensión, VIE-UIS 2418

GPE 16

COMUNICACIÓN TÁCTIL ENTRE LARVAS DE LAS GEMELAS *Drosophila melanogaster* Y *D. simulans*

Araneda P¹, Correa T¹, Donoso N¹, Godoy-Herrera R¹. Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile. rgodoy@uchile.cl

Esta investigación se centra en el uso del tacto para identificar congéneres y extraños en larvas de *Drosophila simulans* y *D. melanogaster*. En el Valle Central de Chile, larvas de estas gemelas se crían en los mismos lugares. Observamos frecuentes contactos corporales entre larvas. Discurremos que las larvas de cada especie podrían diferir en frecuencia de contactos y en preferencias donde tocarse y que estos contactos podrían aportar a distinguir entre larvas congéneres y las de la otra especie. Con adultos de ambos sexos de cada especie capturados en Til-Til, 50 km al Norte de Santiago, fundamos una cepa por especie. Pares de larvas de 96-100 h de edad de cada cepa y especie se depositaron sobre agar-gel dispuesto en la platina de un microscopio (N=50 pares/cepa/especie). Registramos los contactos entre las larvas de cada par. Se repitió el tratamiento con pares de larvas, pero una larva de cada especie. En ambos tratamientos registramos por cinco minutos, el número y lugar anatómico de los contactos corporales entre larvas de cada par. Las larvas de cada gemela usan la totalidad de su cuerpo, excepto la zona ventral, para tocar el cuerpo de congéneres y el de larvas de la otra especie. En ambas especies los segmentos abdominales son los más tocados; los menos tocados son los extremos cefálico y caudal. Larvas de *D. melanogaster* tocan con mayor frecuencia que las de *D. simulans* a sus congéneres y a larvas *D. simulans*. Pero las larvas de *D. simulans* inician los contactos tocando preferentemente las regiones cefálica, luego caudal y abdominal de larvas *D. melanogaster*. Larvas de *D. melanogaster* tocan primero la zona caudal y luego la cefálica de larvas *D. simulans*. La frecuencia de contactos entre larvas de las dos especies es mayor que la frecuencia entre larvas congéneres. Así, las larvas de *D. melanogaster* y *D. simulans* que coexisten en los mismos lugares, se distinguen por sus diferentes patrones de contacto corporal. Estas señales podrían aportar a formar grupos de congéneres, evitando competir por alimento y espacio con larvas de otras especies.

Programa de Genética Humana Facultad de Medicina Universidad de Chile

GPE 17

PATRONES FILOGEOGRÁFICOS DEL CARPINCHO (*Hydrochoerus hydrochaeris*) EN EL SUR DE SU DISTRIBUCIÓN

González-Barboza M.¹, N. Bou¹, M.S. Byrne², J.I. Túnez², M. Cosse¹. ¹Departamento de Biodiversidad y Genética, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; ²Grupo de Investigación en Ecología Molecular, Departamento de Ciencias Básicas e Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable, Universidad Nacional de Luján, Argentina. matigonzalez201097@gmail.com

El carpincho (*Hydrochoerus hydrochaeris*) es una especie ampliamente distribuida a lo largo de Sudamérica. Su presencia se asocia a ambientes con cuerpos de agua como humedales, bosques riparios y sabanas inundables. Es una especie emblemática de enorme importancia biológica, social y económica. Sin embargo, no existen hasta el momento estudios genéticos que incluyan a Uruguay. En este trabajo se evaluó, mediante la utilización de un fragmento de 245 pb de la región control (D-loop) del ADN mitocondrial, la diversidad genética y estructura de sus poblaciones en el contexto de la región Chaco-Pampeana. Se obtuvieron 45 secuencias pertenecientes a poblaciones ubicadas en localidades uruguayas, a las que se le adicionaron otras correspondientes a poblaciones de Argentina y Paraguay, haciendo un total de 221. Se determinaron 19 haplotipos, con 18 sitios polimórficos. El análisis de estructuración con SAMOVA reveló que las poblaciones de Uruguay son genéticamente distintas al resto y que existirían conexiones entre algunas poblaciones de Argentina y Paraguay. Además, dentro de Paraguay existen tres grupos genéticos. En general, la diversidad genética del carpincho en el Chaco y la Pampa fue menor que la encontrada en regiones tropicales. Se propone que el patrón filogeográfico hallado en la región Chaco-Pampeana se debe a la expansión del área de distribución de esta especie hacia el sur mediada por distintos corredores y sistemas de cuencas. La marcada estructura genética sugiere que las poblaciones de Uruguay podrían pertenecer a una Unidad de Manejo distinta a la de las poblaciones de Argentina y Paraguay.

Sistema Nacional de Áreas Protegidas, Dirección Nacional de Biodiversidad y Servicios Ecosistémicos, Ministerio de Ambiente, Uruguay.

GPE 18

HISTORIA DE DIVERSIFICACIÓN DEL SALTAMONTE *Trimerotropis pallidipennis* (OEDIPODINAE: ACRIDIDAE)

Guzman N.^{1,2}, E.R. Castillo³, L.M. Gandini⁴, D.S. Monti^{1,2}, F. Fernandez Campon⁵, V.A. Confalonieri^{1,2}. ¹Ecología, Genética y Evolución, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Laboratorio GIFF, FCEyN, Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), CONICET-UBA, Argentina; ³UNAM, Instituto de Biología Subtropical, CONICET, Argentina; ⁴Laboratorio de Evolución, FCEyN, Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), CONICET-UBA, Buenos Aires, Argentina; ⁵Laboratorio de Entomología de IADIZA-CCT, Mendoza, Argentina. nguzman@ege.fcen.uba.ar

El complejo de especies de saltamontes *Trimerotropis pallidipennis* está conformado por al menos siete linajes genéticos distribuidos en zonas áridas y de gran altitud de América, exhibiendo un *hotspot* en los Andes centrales. En Argentina se observaron dos linajes cromosómicamente diferenciados, “Jujuy” en el norte y “Mendoza-San Luis” (MS) en el centro-oeste del país. En este último se registraron huellas de contacto secundario que sugieren una especiación incipiente y una amplia distribución en áreas más húmedas de Argentina. Estudios de modelado de distribución de especies revelaron posibles refugios consistentes con el patrón de estructuración genética observada en el complejo. Así, este trabajo propone comprender la historia de diversificación de los linajes encontrados, mediada por la topografía y variación ambiental en los Andes. Además, se pondrá a prueba la hipótesis según la cual la cordillera andina actuó como disparador de diversificación. Para ello, se utilizaron secuencias del gen mitocondrial *COI* disponibles de trabajos previos de 260 individuos distribuidos a lo largo de América y se analizaron SNPs de todo el genoma mediante la técnica de ddRADseq en 190 individuos de Perú, Bolivia, Chile y Argentina. El desarrollo de estudios filogeográficos, genómico-poblacionales y de identificación de marcadores asociados a variables ambientales indicaron la presencia de dos rutas principales de dispersión hacia el sur de los Andes centrales y una expansión reciente del linaje MS. Esto, sumado a la detección de marcadores asociados a variables ambientales como temperatura y humedad, a ambos lados de la cordillera sur andina, apoyan la hipótesis propuesta.

FONCYT; CONICET.

GPE 19

DINÁMICA POBLACIONAL Y RUTAS DE DISPERSIÓN EVOLUTIVAS DE *Eupsophus vertebralis* Y *E. emiliopugini* (ANURA: ALSODIDAE)

Hernández-Roco D.¹, C.A. Quercia¹, E.Y. Suárez-Villota², J.J. Nuñez¹. ¹Facultad de Ciencias, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ²Instituto de Ciencias Naturales, Universidad de las Américas, Concepción, Chile. damianhdezr@hotmail.com

El contexto histórico del sur de Sudamérica incluye múltiples procesos geográficos a través del tiempo, tales como ingresiones marinas y periodos recientes de glaciación. Se ha reportado que estos cambios han tenido un fuerte efecto sobre la biodiversidad de la región. El género *Eupsophus* comprende 10 especies de ranas y está dividido en dos grupos: el grupo *roseus* y el grupo *vertebralis*, este último compuesto por *E. vertebralis* y *E. emiliopugini*. La historia evolutiva y distribucional del grupo *vertebralis* permanece pobremente entendida y se carece de hipótesis que permitan comprender la filogenia de estas dos especies. Sobre la base de información molecular, en este trabajo se evalúan hipótesis acerca de la diversificación y rutas de dispersión evolutivas de *E. vertebralis* y *E. emiliopugini*. Para ello, usando 91 secuencias (tres marcadores mitocondriales y dos nucleares) de 58 individuos de *E. vertebralis* y 33 de *E. emiliopugini*, se infirió la dinámica poblacional a través de análisis genéticos poblacionales y filogeográficos Bayesianos (BSP, análisis de difusión). Los análisis mostraron mayor diversidad haplotípica en *E. vertebralis* que en *E. emiliopugini*, mientras que la diversidad nucleotídica fue mayor en esta última especie. Por su parte, los análisis de BSP mostraron un leve aumento en el tamaño efectivo poblacional para ambas especies. Los análisis de difusión mostraron un patrón de dispersión poblacional alrededor del último máximo glacial. Sobre la base de los resultados se propone una historia de diversificación en el grupo *vertebralis* más reciente que aquella de las especies del grupo *roseus*.

FONDECYT 3160328

GPE 20

¿JUNTOS PERO NO REVUELTOS?: ESTRUCTURA GENÉTICA DE UNA ARAÑA LOBO DE TELA PRIORITARIA PARA LA CONSERVACIÓN EN URUGUAY

Kacevas Moreno N.^{1,2}, M. González Pérez², L. Bidegaray¹. ¹Biodiversidad y Genética, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; ²Ecología y Biología Evolutiva, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay. kacevas.nadia@gmail.com

Aglaoctenus lagotis es una araña lobo sudamericana que habita permanentemente en tela, una forma de vida particular dentro de la familia Lycosidae. Debido a este singular hábito y a aspectos de su ecología y distribución, su conservación en Uruguay es considerada priorizada. Se distinguen dos formas dentro de la especie, “norte” y “sur”. Esta última habita el estrato herbáceo de pastizales y serranías de Uruguay, ambientes en decremento debido a la expansión de las actividades agropecuarias. Contar con estudios que evalúen la variación genética de las poblaciones y cómo ésta se distribuye en el espacio geográfico, resultan esenciales para la elaboración de estrategias de conservación. Nos propusimos estudiar la diversidad y estructuración genética de la forma sur de *A. lagotis* a lo largo de su distribución geográfica. Se secuenciaron un fragmento del gen mitocondrial *COX1* y uno del intrón nuclear *TIF5A*, provenientes de individuos de 19 localidades de Uruguay. Los test de neutralidad para ambos marcadores evidenciaron un proceso de expansión poblacional, patrón que coincide con la configuración en forma de estrella observada en las redes de haplotipos y los cambios del tamaño efectivo de la población en el tiempo (*Skyline plots*). Las comparaciones pareadas de los F_{ST} y el test de Mantel no revelaron la existencia de diferenciación asociada a su distribución o geografía. Si bien hay expansión poblacional y alta conectividad, incorporar otros marcadores y modelación del nicho aportarán a evaluar procesos de diferenciación a escalas temporales más recientes, y al pronóstico de viabilidad de la especie.

HLMFAR (American Arachnological Society), PEDECIBA, Sistema Nacional de Investigadores, ANII; Donación: Dr. Carlos Carbajal Campi, FAICE GENBIO

GPE 21

THE INFLUENCE OF THE GREAT RIVERS IN THE BIOGEOGRAPHIC HISTORY AND DIVERSIFICATION OF THE AMAZONIAN PLATYRRHINE

Lima T.¹, J. Carneiro², I. Sampaio². ¹Department of Genetics, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brazil; ²Institute of Coastal Studies, Universidade Federal do Pará, Brazil. thaynaralima_tsll@hotmail.com

The New World Monkeys are widely distributed in the American continent, from Mexico to Argentina, adapted to different biomes, however their greatest diversity is in the Amazon rainforest. One of the hypotheses that tries to explain the large number of primate taxa in this biome is the hypothesis of rivers as barriers. In this study, we investigated the influence of the four largest rivers in the Amazon basin (Solimões, Amazonas, Madeira and Negro) on the vicariance process in eleven genera of platyrrhine (*Ateles*, *Alouatta*, *Cacajao*, *Chiropotes*, *Cheracebus*, *Plecturocebus*, *Aotus*, *Cebus*, *Sapajus*, *Saimiri* and *Saguinus*) from the biogeographic historical reconstruction and the time of divergence. Sixty-five taxa were analyzed, among species and subspecies, a total of 223 individuals, which resulted in 24 cladogenesis of taxa on opposite banks of the mentioned rivers, which were subjected to phylogenetic analysis, time of divergence and biogeographic analysis. Our results suggest that 75% of the sister taxa that occur on the opposite banks of the Solimões-Amazonas, Negro and Madeira rivers present time intervals that cover the formation period of the current constitution of these rivers. For the genera *Cheracebus*, *Aotus*, *Saguinus*, *Alouatta*, *Cebus* and *Saimiri*, all cladogeny nodes were congruent with the recent formation of the Amazon basin. The rivers did not act as a vicarious barrier for all taxa on opposite banks for the genera *Chiropotes*, *Cacajao* and *Ateles*. And the genera *Plecturocebus* and *Sapajus* demonstrate that the main Amazon rivers were not an impermeable barrier to gene flow for their taxa, especially for *Sapajus*, which has recent dispersal and cladogenesis dates.

Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico

GPE 22

IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES DE CAIMANES EN ARGENTINA UTILIZANDO SECUENCIAS BARCODE

Martin P.A.¹, P. Siroski², P. Amavet³, G. Pacheco Sierra⁴.

¹Laboratorio de Genética, Departamento de Cs. Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Argentina; ²Laboratorio de Ecología Molecular Aplicada (LEMA-ICIVET-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral, Argentina; ³Laboratorio de Genética, Departamento de Cs. Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, UNL - CONICET, Argentina; ⁴Unidad de Biología de la Conservación PCTY, UMDI-Sisal, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México. pau.a.martin@gmail.com

Para llevar a cabo el manejo y conservación de ejemplares del orden Crocodylia se debe controlar el tráfico ilegal de productos y determinar la especie a la cual pertenecen las muestras. El *barcoding* es una herramienta molecular que permite la identificación de especies basándose en el análisis del gen mitocondrial Citocromo c Oxidasa subunidad 1 (COI). El objetivo del trabajo fue evaluar su utilidad para identificar las especies de caimanes de Argentina: *Caiman latirostris* y *C. yacare*. Para ello se diseñó un nuevo par de cebadores empleando información genética de la familia Alligatoridae y se obtuvieron *barcodes* de 10 individuos de cada especie (n=20). El fragmento analizado fue de 610 pb y cada especie presentó un único haplotipo. Asimismo, se observaron discrepancias entre la asignación taxonómica mediante caracteres morfológicos y los datos moleculares en dos muestras, que pueden deberse a procesos de hibridación interespecífica o a errores en la identificación fenotípica. Por otro lado, se obtuvieron 346 secuencias *barcode* de BOLD Systems y GenBank de 23 especies del orden, se seleccionaron haplotipos únicos y se generaron árboles filogenéticos. Se obtuvieron árboles similares a la filogenia actual propuesta, excepto por la ubicación del género *Alligator*. Este estudio es el primero que reporta secuencias *barcode* de *C. latirostris* y *C. yacare* de poblaciones argentinas. En conclusión, el *barcoding* es una herramienta eficiente para identificar a los caimanes de Argentina a nivel de especie y permite la correcta identificación taxonómica dentro del orden Crocodylia debido a su alta especificidad.

GPE 23

REVELANDO PATRONES INESPERADOS DE DIVERSIDAD MEIOFAUNAL EN SEDIMENTOS DEL HUMEDAL DEL RÍO CRUCES, SUR DE CHILE: UN ENFOQUE DE METABARCODING

Martínez Rincon D.¹, P. Ramírez¹, F. Pontigo¹, C. Correa^{2,3}, P. Saenz Agudelo^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias. Doctorado en Ciencias. Mención Ecología y Evolución, Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ²Centro de Humedales Río Cruces, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ³Facultad De Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Instituto De Conservación Biodiversidad y Territorio, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. cafeyarumo@gmail.com

El desarrollo de la técnica de *metabarcoding* permite caracterizar eficientemente comunidades naturales complejas y diversas a partir de mezclas de secuencias de ADN, evitando así inconvenientes que han obstaculizado estudios tradicionales basados en fenotipos. En este trabajo, caracterizamos con una alta resolución espacial y temporal comunidades bentónicas meiofaunales (tamaño entre 50 y 1000 μm) desconocidas del Humedal del Río Cruces (HRC), un sitio Ramsar en el que la influencia dulceacuícola y marina interactúa con el régimen estacional de lluvias y caudales afectando las comunidades biológicas. Se tomaron testigos de sedimento y se midieron variables ambientales en 10 sectores a lo largo del estuario, cada uno incluyendo un sitio somero-periférico y un sitio profundo-central. El mismo procedimiento se repitió en invierno (alto caudal) y verano (bajo caudal). Los testigos permitieron determinar la textura y contenido de materia orgánica del sedimento, así como extraer ADN total, el cual fue procesado según la técnica de *metabarcoding* mediante secuencias parciales de los marcadores COI y 18S. Los resultados muestran cuatro Phyla dominantes de meiofauna en el HRC; Annelida, Arthropoda, Bryozoa y Tardigrada. Las comparaciones espaciales y temporales entre sitios (diversidad- β) sugieren poco recambio de taxa. La riqueza específica en las zonas de estudio, tanto en sustratos someros como profundos, pareciera aumentar a medida que disminuye el efecto salino. Este estudio proporciona un análisis de la meiofauna bentónica en el HRC utilizando secuenciación de alto rendimiento que permite explorar el efecto de la heterogeneidad ambiental sobre la composición de comunidades muy diversas, pero poco exploradas.

Centro de Humedales Río Cruces, CEHUM-2018-01-18; Beca de doctorado nacional CONICYT21170519.

GPE 24

DETECCIÓN DE MARCADORES MethylRAD DIFERENCIALMENTE METILADOS EN POBLACIONES NATURALES DEL EFEMERÓPTERO *Andesiops torrens* EXPUESTAS A PESTICIDAS EN UNA CUENCA AGRÍCOLA

Notte A.M.^{1,2}, A. Bertin¹, N. Gouin^{3,4}. ¹Facultad de Ciencias, Departamento de Biología, Universidad de La Serena, Chile; ²Doctorado en Biología y Ecología Aplicada, Universidad de La Serena, Chile; ³Instituto de Investigación Multidisciplinario en Ciencia y Tecnología, Universidad de La Serena, Chile; ⁴Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Chile. anotte@userena.cl

Comprender las respuestas de las poblaciones y los organismos al estrés ambiental es complejo porque involucra procesos genéticos, plásticos y epigenéticos, que a menudo interactúan para definir las trayectorias evolutivas de las poblaciones. Estudios recientes han revelado el papel crucial de los mecanismos epigenéticos en las respuestas y adaptaciones a los factores de estrés ambiental en invertebrados dulceacuícolas. En este estudio, evaluamos si el proceso de metilación de ADN puede estar involucrado en el insecto acuático *Andesiops torrens* en respuesta a la contaminación por pesticidas de los ríos. Para ello, generamos marcadores methylRAD en 10 individuos en cada una de 30 poblaciones naturales de *A. torrens* de la cuenca del río Limarí. Se detectaron un total de 162.209 y 69.335 motivos CCGG y CCWGG metilados, respectivamente. Estos datos fueron analizados con el método de máxima verosimilitud condicional ajustada por cuantiles (qCML), agrupando los sitios según si se había identificado previamente la presencia (10 sitios) o ausencia (20 sitios) de pesticidas. Aplicando una tasa de falso descubrimiento (FDR) del 10%, se detectaron seis marcadores methylRAD diferencialmente metilados, principalmente de tipo CCGG, con un aumento de al menos 1,5 veces ($p < 0,05$) en los sitios con presencia de pesticidas. Cuatro de estos marcadores fueron identificados dentro y uno al lado de genes en el genoma de la especie *Ephemera danica* (Ephemeroptera). Algunos de estos genes candidatos están potencialmente involucrados en mecanismos de resistencia a pesticidas como GPCR (G-protein Coupled Receptor) y un homólogo de la HSP40 (Heat Shock Protein 40).

FONDECYT 1150928 y 1211346, Agencia Nacional de Investigaciones de Chile

GPE 25

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE *Triatoma infestans* DE DOS DEPARTAMENTOS DEL CHACO PARAGUAYO Y SU ASOCIACIÓN CON VARIABLES CLIMÁTICAS

Oliver Valdez J., M.C. Vega Gómez¹, E. Gayozo Melgarejo².
¹Laboratorio de Entomología, Centro para el Desarrollo de la Investigación Científica (CEDIC), Asunción, Paraguay; ²Laboratorio de Mutagénesis, Carcinogénesis y Teratogénesis Ambiental, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay.
 bioolivervaldez@gmail.com

Los triatomíneos son vectores del *Trypanosoma cruzi*, causante de la enfermedad de Chagas, que a pesar de ser muy estudiados no se reportaron estudios de vectores asociados a patrones ambientales de la región del Chaco. Esta investigación tuvo por objetivo determinar la variabilidad fenotípica y bioecológica en poblaciones peridomésticas de *Triatoma infestans*, obtenidas post-fumigado con insecticida, y su relación con variables climáticas de tres ciudades del Chaco paraguayo. Se colectaron 90 individuos de las ciudades de Mariscal Estigarribia (MEB), Loma Plata (LPB) (ambas del Departamento Boquerón), y de la ciudad de Irala Fernández (IPH) (Departamento Presidente Hayes). Los registros de temperatura y humedad relativa se obtuvieron de estaciones climáticas locales. Se realizó el análisis morfométrico de 17 hitos de alas y abdomen; se evaluaron mediante el Análisis de Componentes Principales (ACP), análisis de conglomerados, el test de Kruskal-Wallis (5% de error), y se establecieron asociaciones entre fenotipo y datos ambientales mediante regresiones de Pearson. No se evidenciaron diferencias en morfología de alas y abdomen entre sexos ($p > 0,05$), pero la morfología del abdomen de hembras demostró diferencias significativas ($p = 0,043$) entre las poblaciones analizadas. El ACP no demostró diferenciaciones fenotípicas entre poblaciones, pero se pudieron identificar similitudes morfométricas entre las poblaciones de MEB y LPB. No se determinaron relaciones entre fenotipo y las variables climáticas evaluadas, sin embargo, las diferencias existentes en el abdomen de las hembras de las poblaciones evaluadas, podrían estar relacionadas a otros factores que podrían estar influyendo en la respuesta a dichas condiciones en adaptación a las mismas.

GPE 26

DESENTRAÑANDO LA COMPLEJA RELACIÓN FILOGENÉTICA DE LAS LAPAS *Scurria* EN CHILE

Peluso Azevedo L., A. Vargas Aguila¹, C. Asorey², S. Rosenfeld³, P. Saenz Agudelo¹. ¹Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Chile; ²Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Chile; ³Facultad de Ciencias, Universidad de Magallanes, Chile. liviapeluso1@gmail.com

A pesar de ser organismos comunes y ecológicamente importantes del intermareal rocoso en las costas de Chile y Perú, aún no se tiene en claro cuántas especies de lapas del género *Scurria* están presentes. Los estudios publicados hasta el momento tanto con datos morfológicos como genéticos difieren en el número de especies reconocidas y de la sinonimia propuesta. En este trabajo, utilizamos 22.064 SNPs y la secuencia parcial del COI con el objetivo de estimar las relaciones filogenéticas de ese grupo. Un total de 62 individuos de siete especies putativas de *Scurria* fueron muestreados en cinco sitios a lo largo de la costa chilena y fueron secuenciados en su totalidad para SNPs, mientras que 33 fueron secuenciados para COI. Además, 31 secuencias adicionales de COI fueron obtenidas en Genbank. La reconstrucción filogenética con COI indica ocho linajes, sin embargo, esta tuvo poca resolución para separar taxones cercanos como *S. araucana* y *S. ceciliana*. La filogenia a partir de SNPs indica la presencia de nueve linajes claramente diferenciados, de los cuales siete corresponden a las especies reconocidas en la última revisión del género. Esto sugiere que los otros dos linajes pueden corresponder a diferentes especies descritas en base a la morfología de la concha y que en las últimas revisiones moleculares del grupo fueron sinonimizadas. Estos resultados indican que la diversidad de *Scurria* puede ser mayor que la establecida y que una revisión taxonómica integrativa de este género es necesaria.

CONICYT, FONDECYT REGULAR 1190710

GPE 27

FILOGENÓMICA DE ZORROS EN CHILE

Pizarro González E.¹, B. Julio Kalajžić¹, C. Napolitano², G. Acosta Jamett³, D. González Acuña⁴, J.C. Marín Contreras⁵, J. Cabello Stom⁶, N. Sallaberry Pincheira⁷, J. Millán⁷, C. Bonacic¹, P. Pliscoff⁸, J.A. Vianna¹.
¹Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile; ²Instituto de Ecología y Biodiversidad, Chile; ³Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Chile; ⁴Departamento de Ciencias Pecuarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chile; ⁵Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bio-Bio, Chile; ⁶Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad San Sebastián, Chile; ⁷Unidad de Rehabilitación de Fauna Silvestre, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Chile; ⁸Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile. pizarrog.e.u@gmail.com

La evolución del género *Lycalopex* está marcada por una rápida y reciente divergencia en el Pleistoceno, posiblemente impulsada por diferenciación en las tolerancias climáticas. Los estudios filogenéticos del género han encontrado dificultad para establecer consistentemente una hipótesis filogenética. En Chile habitan tres de las seis especies del género, el zorro Culpeo (*L. culpaeus*), zorro Chilla (*L. griseus*) y zorro de Darwin (*L. fulvipes*), cuyas relaciones filogenéticas suelen variar, posiblemente por ordenamiento incompleto de los linajes o por eventos de introgresión histórica, patrones usuales en especiaciones recientes. Sin embargo, la tendencia es que el zorro de Darwin se posicione entre las primeras divergencias y el zorro Chilla y zorro Culpeo entre las más recientes. En este estudio secuenciamos genomas del zorro Culpeo, zorro Chilla y zorro de Darwin y utilizamos distintas regiones del genoma para establecer una hipótesis evolutiva para estas tres especies, complementando con análisis de introgresión e historia demográfica. Resultados preliminares de reconstrucción filogenética con Elementos Ultraconservados son indicativos de una divergencia más reciente entre el zorro de Darwin y el zorro Chilla, así mismo las historias demográficas reconstruidas con PSMC muestran concordancia con esta hipótesis. Análisis con otras regiones del genoma y otras metodologías de reconstrucción de historia demográfica están en progreso, las que ayudarán a dilucidar las relaciones evolutivas entre estas especies.

FONDECYT 1181677/2018-2021

GPE 28

UTILIZACIÓN DEL ADN MITOCONDRIAL COI PARA LA IDENTIFICACIÓN DEL AJOLOTE DEL ALTIPLANO (*Ambystoma velasci*)

Romero L.^{1,2}, I. Gallardo Santano², A.M. Peña Borrayo², D. Montiel Condado², R. Mendoza Alfaro¹.
¹Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, México; ²Ciencias Genómicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, México. lety-romero@live.com

Ambystoma velasci, salamandra endémica con distribución en el altiplano mexicano, se encuentra sujeta a protección especial por normas mexicanas y autoridades internacionales debido a que diversas actividades antropogénicas han provocado el descenso de sus poblaciones. Para implementar prácticas eficientes para su conservación, resulta fundamental conocer en Nuevo León el estatus actual de las poblaciones de esta especie, ya que su extinción pudiera resultar en el desequilibrio de los ecosistemas, repercutiendo en consecuencia en el ser humano. El objetivo del presente trabajo fue establecer una técnica de biomonitorio basada en *DNA barcoding* como método molecular ambiental para la detección de *A. velasci*. Primeramente, se diseñaron y sintetizaron *primers* especie-específicos dirigidos hacia una región del ADNmt COI. Se recolectaron muestras de tejido y agua de pozas para su posterior análisis. El ADN de tejido se extrajo mediante un kit y el *eDNA* con un protocolo estándar; la concentración se evaluó por fluorometría y la integridad en geles de agarosa teñidos con BrEt. Se realizaron amplificaciones convencionales utilizando seis *primers*, los productos obtenidos fueron clonados y secuenciados y por último se realizaron análisis bioinformáticos de las secuencias. Como resultado se obtuvieron tres amplicones de 305pb, 248pb y 90pb. Estos resultados permitieron la identificación de la especie, descartando a otras especies de *Ambystoma*, surgiendo con ello el planteamiento de nuevos experimentos que contribuirán con elementos clave para lograr la conservación de la especie en México.

PAICYT 325-2020, Universidad Autónoma de Nuevo León, México

GPE 29

A MITOCHONDRIAL PHYLOGENY REVEALS THE VALIDITY OF A GRAY BROCKET DEER SPECIES FROM NW VENEZUELA, *Mazama cita* Osgood, 1912

Sandoval E.D.P.¹, G.Q. Vacari¹, W. Jedrzejewski², J. Molinari³, R. Carreño², J.M.B. Duarte¹. ¹Department of Animal Sciences, Deer Research and Conservation Center (NUPECCE), São Paulo State University (UNESP), Jaboticabal-SP, Brazil; ²Ecology Center, Venezuelan Institute for Scientific Research (IVIC), Venezuela; ³Department of Biology, School of Sciences University of the Andes, Mérida, Venezuela. eluzaidinai@gmail.com

Mazama genus is characterized by homoplastic morphological characters, and high karyotypic diversity. Its polyphyly has been discussed by several authors, allocating *Mazama* species in two multigeneric lineages, the subtribes Odocoileina and Blastocerina. Gray brocket includes two non-sister species within the Blastocerina, viz. *Mazama gouazoubira*, occurring in the south of the Amazon region, and *M. nemorivaga*, occurring in the Guiana and Amazon regions. Our objective was to clarify the taxonomy of Venezuelan gray brocket reviewing the description of *Mazama americana citus* Osgood 1912, referred to as either *M. gouazoubira* or *M. nemorivaga* by subsequent authors. We collected a topotype in the Eastern Lake of Maracaibo region to analyze its morphological and molecular characteristics as a first step to comprehend the identity of the taxon, and sampled five specimens from three different states at NW Venezuela for molecular phylogeny. We amplified and sequenced 480pb of *CYTB* gene, and performed Bayesian inference analysis including 38 sequences of neotropical cervids with known origin from Mexico to Paraguay. The topotype has a gray yellowish fur, darker dorsally and whitish ventrally, lacks a superciliary spot and presents long pointed ears. The phylogenetic analysis recovered gray brocket deer from NW Venezuela as a monophyletic clade within Blastocerina (98% branch value), separated from other gray brockets as *M. nemorivaga* from Amazon region of Venezuela, Perú and Brazil, and also from *M. gouazoubira* clade formed by individuals from Paraguay and S Brazil. Therefore, we recognize *Mazama cita* as a full species and possibly a new genus would be elected for this taxon.

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior Brasil (CAPES) 88887.529049/2020-00

GPE 30

APLICACIÓN DE HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LA ESPECIE DE NUEVE ALMEJAS DE IMPORTANCIA SOCIOECONÓMICA PARA CHILE

Vargas Manríquez C.I.^{1,2}, S. Vásquez García¹, F. Jilberto Vallejos¹, V. Aliaga Tobar^{1,3}, C. Osorio Ruiz⁴, M.A. Larrain Barth^{1,5}, C.M. Araneda Tolosa^{1,6}. ¹Food Quality Research Center, Universidad de Chile, Chile; ²Programa Cooperativo de Doctorado en Acuicultura, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, La Pintana, Santiago, Chile; ³Programa de Magister en Ciencias de la Acuicultura, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, La Pintana, Santiago, Chile; ⁴Laboratorio de Invertebrados, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Macul, Santiago, Chile; ⁵Departamento de Ciencia de los Alimentos y Tecnología Química, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Independencia, Santiago, Chile; ⁶Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, La Pintana, Santiago, Chile. carlos.vargas.m@uchile.cl

La trazabilidad es una herramienta fundamental para apoyar la conservación, sustentabilidad y seguridad alimentaria en el sector pesca y en la acuicultura. Para concretar este propósito, diversas regulaciones han incluido requisitos que buscan erradicar la pesca ilegal, no declarada y no reglamentada, y el fraude por sustitución de especies. Uno de éstos es la identificación de la especie (IE) con su nombre comercial y científico. Sin embargo, la IE basada en criterios morfológicos es difícil, más aún en productos procesados. En este escenario, los métodos de IE basados en análisis de ADN han probado ser confiables. En Chile existen al menos nueve especies de almeja de importancia socioeconómica (*Ameghinomya antiqua*, *Protothaca thaca*, *Mulinia edulis*, *Eurhomalea rufa*, *E. lenticularis*, *E. exalbida*, *Semele solida*, *Gari solida* y *Tawera gayi*), pero por incerteza en su identificación, actualmente presentan restricciones comerciales para su exportación al mercado europeo. Nuestro objetivo fue desarrollar una herramienta basada en el análisis de secuencias de genes *barcode* para la identificación de estas nueve especies. Se extrajo ADN de las especies mencionadas y mediante PCR y secuenciación Sanger se obtuvieron las secuencias de cinco genes (en 10 individuos de cada especie) (211pb a 989pb). Para la identificación de la especie se evaluaron enfoques mono y multi-locus, así como distintos métodos de análisis (i.e. *barcoding*, *FINS* y *minibarcode*). Fue posible diferenciar e identificar las especies con distintos grados de precisión, permitiendo resolver los problemas de identificación que impiden la exportación de estos recursos.

FONDEF 18/10025

GPE 31

EVOLUTIONARY ANALYSIS OF THE *ARRB1* AND *ARRB2* GENES IN PRIMATES

Veber B.¹, L.J. Bueno Landau¹, B. Sampaio De Oliveira Fam¹, M.C. Bortolini¹. Programa de Pós-graduação em Genética e Biologia Molecular, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil. bveber@outlook.com

Arrestins play a crucial role in homologous desensitization of G protein-coupled receptors (GPCRs) and regulate several other vital signaling pathways in cells, including innate immune responses and social behavior signaling pathways. For instance, our research group has associated some functional and potential adaptive oxytocin variants found in primates Platyrrhini with reduced capacity to mobilize β -arrestins. Oxytocins act via GPCRs. To expand the knowledge about this exciting signaling pathway, we investigate the evolutionary pattern of the genes *ARRB1* and *ARRB2*, which code β -arrestins 1 and 2, respectively. Forty-six sequences from public databases were aligned and analyzed. We used several tests to estimate the rate of nonsynonymous to synonymous substitutions ($\omega = dN/dS$). Only one site presented variation across species (*ARRB2*: Serine216Asparagine; Grantham Score=42), indicating that *ARRB1* and *ARRB2* are highly conserved in primates. The residue Asparagine at position 246 of *ARRB2* was found in *Alouatta palliata*, *Callithrix jacchus*, *Carlito syrichta*, *Cercopithecus neglectus*, *Cheirogaleus medius*, *Chlorocebus sabaues*, *Eulemur flavifrons*, *E. fulvus*, *E. macaco*, *Gorilla gorilla*, *Indri indri*, *Lemur catta*, *Microcebus griseorufus*, *M. mittermeieri*, *M. murinus*, *M. ravelobensis*, *M. tavaratra*, *Pan paniscus*, *P. troglodytes*, *Papio anubis* and *Propithecus coquereli*, showing wide distribution. However, the importance of this modification should be better studied due to the possibility of this site being part of the binding region that interacts with the protein TRAF6. The β -arrestin-TRAF6 complex is involved in the activation and regulation of innate immune signaling pathways and inflammatory responses. However, the role of such complex in social behavior has not been determined.

Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq/Brasil

GPE 32

PRIMER REPORTE DEL PARÁSITO ZONÓTICO *Sparganum proliferum* EN PECES ANUALES DE LA CUENCA PATOS-MERÍN

Vettorazzi R.^{1,2}, W. Norbis², S. Martorelli³, G. García¹, N. Ríos¹. ¹Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay; ²Laboratorio de Fisiología y Ecología de Peces, Departamento de Biología Animal, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay; ³Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Argentina. rvetto@fcien.edu.uy

Plerocercoides del orden Diphyllbothriidea, se clasifican dentro del género provisorio *Sparganum*, agente causante de la sparganosis. El humano actúa como hospedador paraténico accidental mediante la ingesta de carne de rana, ofidios o peces sin la debida cocción, o bebiendo agua con micro-crustáceos infectados por procercooides. La severidad de la sparganosis varía en función del sitio de infección en el humano y la especie de *Sparganum* involucrada, siendo *S. proliferum* la más grave. Por lo tanto, el diagnóstico debe ser acompañado por la identificación del parásito (sin caracteres diagnósticos en este estadio inmaduro) y, para su prevención, es crucial conocer todos los hospedadores que pudieran integrar su ciclo de vida y su distribución. En este sentido, el presente trabajo buscó identificar plerocercoides hallados en peces anuales del género *Austrolebias*, tras la realización del muestreo de charcos temporales del área uruguaya de la cuenca Patos-Merín. La identificación se llevó a cabo mediante la técnica de genética molecular de *barcoding*, utilizando el gen COI como blanco. A través de la reconstrucción filogenética evidenciamos que los plerocercoides integran el clúster de *S. proliferum*. Este es el primer registro del parásito en peces sudamericanos. Este hallazgo adquiere mayor relevancia debido a que las *Austrolebias* son muy preciadas por los acuaristas, de modo que éstos podrían estar expuestos al parásito al momento de capturar ejemplares de la naturaleza.

PEDECIBA Biología, Programa de Desarrollo de Ciencias Básicas, Uruguay

GPE 33

SPECIES IDENTIFICATION WITHIN *Mytilus* GENUS – COMPARISON OF METHODS

Larraín Barth M.A.^{1,2}, C.M. Asorey^{1,3}, F. Jilberto Vallejos^{1,2}, I. Haase⁴, R. Schubbert⁴, C.M. Araneda Tolosa^{1,5}. ¹Food Quality Research Center, Santiago, Chile; ²Departamento de Ciencia de los Alimentos y Tecnología Química, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile; ³Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile; ⁴Eurofins Genomics Europe Applied Genomics GmbH, Ebersberg, Deutschland; ⁵Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, Santiago, Chile. mlarrain@uchile.cl

Species identification (SI) in seafood has become increasingly important among consumers, due to consequences in food safety and sustainability. Nowadays, it is mandatory to declare the common and scientific names in the label (EU N° 1379 2013). DNA sequence analysis (SA) is reliable for SI in seafood; however, it can be performed by Direct Sequence Comparison (DSC), Forensically Informative Nucleotide Sequencing (FINS), Automatic Barcoding Gap Discovery (ABGD), Best Close Match (BCM) and the All Barcodes (AB) methods. These differ in the rigorosity to define how similar a barcode match needs to be before it can be identified. To compare SA methods, sequences of the Histone *H1C* gene from 61 mussels (9 *Mytilus galloprovincialis* and 52 *M. chilensis* determined by a 49 SNPs panel) were analyzed by DSC, ABGD, BCM and AB. These sequences with other 14 from GeneBank, were used for FINS analysis. The performance identifying the species was assessed by determining concordance (Cohen's Kappa statistics) between SI methods. FINS and ABGD were not able to separate the species. Concordance among the other methods ranged from $\kappa=0$ (slight agreement) between AB and DSC or BCM, to $\kappa=0.72$ (substantial agreement) between DSC and BCM. BCM showed the highest concordance with the 49 SNP panel ($\kappa=0.67$, substantial agreement). The SA method affects SI when the taxonomic resolution of the gene within the genus is low. ANID-FONDEF ID16110013/20013, FONDECYT 1130302 and 1191765; Eurofins Genomics Europe Applied Genomics GmbH

Plantas / Plants

GPE 34

IDENTIFICACIÓN DE VARIABLES BIOCLIMÁTICAS RELACIONADAS CON LA VARIACIÓN FENOTÍPICA DE CARACTERES MORFOLÓGICOS FOLIARES DE *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*

Bruera C.^{1,2}, Pastorino M.J.^{2,3}, Barrandeguy M.E.^{1,2,4}, García M.V.^{1,2,4}. ¹Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas (UNaM - CONICET), Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ³Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (INTA - CONICET), Argentina; ⁴Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Departamento de Genética, Universidad Nacional de Misiones, Argentina. camibruera@gmail.com

Anadenanthera colubrina var. *cebil* es una especie forestal nativa de Argentina que se distribuye en las provincias fitogeográficas Paranaense y de las Yungas, de climas contrastantes. Se analizó la posible relación entre variables bioclimáticas y la variación fenotípica de caracteres foliares considerando 165 individuos (cinco hojas por individuo) provenientes de 17 poblaciones localizadas en ambas provincias. Sobre cada hoja (bipinnada) fueron medidos 13 caracteres morfológicos. Se calcularon medias y coeficientes de variación. Se testaron diferencias entre las medias aplicando pruebas de *t*. Se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP) y se ajustaron Regresiones Lineales Múltiples (RLM). Se seleccionaron seis variables bioclimáticas de la base mundial CHELSA que no mostraron multicolinealidad. Los individuos de Paranaense presentaron los mayores valores medios para todos los caracteres, 12 de ellos con diferencias significativas entre ambas provincias. Con el 71% de la variación total explicada, el plano principal del ACP mostró superposición parcial entre las dos provincias. La longitud de folíolos medios fue el carácter con mayor aporte al primer eje. El modelo de RLM que explicó la longitud de los folíolos medios mostró el mejor ajuste ($R^2=0,51$) involucrando a las seis variables bioclimáticas. La variable estacionalidad de la temperatura formó parte de todos los modelos explicativos, mientras que el rango diurno medio fue la de mayor pendiente. Estos resultados indican que existe relación entre las variables bioclimáticas y los caracteres foliares, en particular la longitud de folíolos medios estaría relacionada con la estacionalidad de la temperatura y al rango diurno medio.

GPE 35

APTITUD BIOLÓGICA DE HÍBRIDOS CULTIVO-SILVESTRE DE GIRASOL (*Helianthus annuus* L.) SELECCIONADOS EN AMBIENTES CONTRASTANTES

Fanna I.^{1,2}, Hernandez F.^{1,2}, Mercer K.³, Presotto A.^{1,2}. ¹Centro de Recursos Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), CONICET, Argentina; ²Dpto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina; ³Department of Horticulture and Crop Science, The Ohio State University, USA. ifanna@cerzos-conicet.gov.ar

La hibridación cultivo-silvestre puede dar lugar a nuevos biotipos maleza. El éxito de estos híbridos dependerá de sus combinaciones alélicas y del ambiente donde se seleccionen. El objetivo de este trabajo fue evaluar la aptitud biológica de híbridos recíprocos cultivo-silvestre de girasol en ambientes contrastantes. Se realizó un ensayo a campo simulando tres ambientes: uno ruderal (RUD, competencia permanente con especies espontáneas), y dos agrestales (AGR1, competencia temprana con trigo, y AGR2, competencia tardía con maíz). Se evaluaron ocho biotipos: tres poblaciones silvestres (BAR, RCU y BRW), el voluntario de un cultivar de girasol (F_2) y cuatro híbridos recíprocos (cultivo-silvestre, silvestre-cultivo), entre BAR y RCU y el cultivar. La aptitud se estimó para cada biotipo y ambiente, como el número de capítulos por parcela. Se encontró interacción significativa biotipo*ambiente. En general, los biotipos silvestres tuvieron mayor aptitud que los híbridos y el voluntario no sobrevivió en ningún ambiente. En AGR1, los silvestres mostraron mayor aptitud, seguidos de los híbridos silvestre-cultivo y cultivo-silvestre (274-736, 266-419 y 209-220 capítulos por parcela, respectivamente). En AGR2, los silvestres tuvieron nuevamente mayor aptitud, seguidos de las cruzas con RCU y luego las cruzas con BAR (456-723, 244-277 y 140-162, respectivamente). RUD fue el ambiente más limitante: tres de los cuatro híbridos no generaron capítulos y el restante tuvo menor aptitud que los silvestres (71 vs. 163-247, respectivamente). El establecimiento de híbridos cultivo-silvestre es más probable en ambientes agrestales aunque puede variar con el parental silvestre.

GPE 36

DETRÁS DEL ORIGEN DEL ARROZ MALEZA EN ARGENTINA

Hernández F.^{1,2}, Vercellino R.B.^{1,2}, Iberlucea Saglietto A.², Kruger D.³, Fontana M.L.³, Crepy M.⁴, Auge G.⁵, Presotto A.^{1,2}. ¹CERZOS-CONICET, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ²Depto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ³EAA INTA Corrientes, INTA, Corrientes, Argentina; ⁴EAA Concepción del Uruguay, INTA, Entre Ríos, Argentina; ⁵Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, CONICET-IB3, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. fhernandez@cerzos-conicet.gov.ar

El arroz maleza es una de las malezas más comunes en los cultivos de arroz (*Oryza sativa* L.) en todo el mundo. Su origen es diverso, aunque la domesticación es el más común. El objetivo de este trabajo fue caracterizar fenotípicamente biotipos de arroz maleza en Argentina. Durante las campañas 2017/2018 y 2019/2020 se colectaron biotipos maleza en lotes de arroz cultivado, en las provincias Entre Ríos, Corrientes, Santa Fe, Formosa y Chaco. De estas colectas, 93 biotipos maleza y 11 cultivares fueron sembrados en invernadero para su caracterización. Se registraron siete variables: días a floración, tamaño y forma del grano, presencia/ausencia de aristas, color de pericarpio y de cubiertas (glumelas) y desgrane. Se utilizó un análisis de correspondencia múltiple para agrupar las accesiones en base a las siete variables. Se observó una gran variación fenotípica. Los cultivares fueron uniformes para pericarpio blanco, cubiertas pajizas, sin aristas y sin desgrane. Las malezas mostraron una gran diversidad en color de cubiertas y presencia de aristas y menor diversidad en color de pericarpio (90% rosado o rojo) y desgrane (todas presentaron). En el análisis multivariado, las malezas se separaron de los cultivares y dentro de estas se observaron tres grupos según el color de las cubiertas (negro, marrón o pajizo). La gran diversidad observada sugiere que más de un tipo de arroz dio origen a las malezas en Argentina. Con esta colección se evaluarán el origen y la evolución de esta maleza, orientados a diseñar mejores prácticas para su manejo.

FONCYT PICT 2017-0473

GPE 37

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Ribes magellanicum*, ZARZAPARRILA ENDÉMICA DE LA PATAGONIA, BASADA EN MARCADORES DE MICROSATÉLITE PROPIOS DE LA ESPECIE

Jara V.¹, Castro M.H.¹, Morales A.², Mc Leod C.³, Vergara C.¹, Salas A.⁴, León-Lobos P.¹, Hinrichsen P.¹. ¹INIA La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago Chile; ²INIA Carillanca, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Vilcún, Chile; ³INIA Kampenaike, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Punta Arenas, Chile; ⁴Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Chile. vjarac2@correo.uss.cl

La zarzaparrilla o grosella incluye varias especies del género *Ribes* (familia *Grossulariaceae*), taxón distribuido ampliamente en Europa, Asia y América del Norte y del Sur. Las especies del género *Ribes* tienen dotación cromosómica diploide ($2x=2n=16$). En Chile se han descrito nueve especies de este género, siendo *R. magellanicum* la más abundante, distribuida entre las regiones de Valparaíso (33° S) y Magallanes (54° S). Hasta la fecha, no existen reportes de su caracterización genética, por lo que su estudio sería un valioso aporte para entender su diversidad y la estructura genética de sus poblaciones. Para ello, se realizó la secuenciación de su genoma en una plataforma Illumina de alto rendimiento, seguido del ensamblaje *de novo* y el análisis bioinformático para identificar regiones con secuencias microsatélites (SSRs). El archivo de secuencias permitió identificar en una primera instancia 2.184 SSRs, desde di- a hexanucleotídicas. De ellas, se diseñaron partidores de PCR para 48 SSRs, los que analizados con un panel de 10 genotipos representativos permitieron identificar hasta ahora un grupo de siete SSRs polimórficos, los que también serán evaluados en las otras especies del género *Ribes* presentes en Chile. Con estos partidores se analizaron 260 muestras (plantas individuales) provenientes de 13 localidades, cubriendo toda la distribución de la especie en Chile. Resultados preliminares indican que la especie presenta una alta diversidad genética, con variantes alélicas propias de cada región. Esta información no solo permitirá determinar la estructura genética de esta especie endémica, sino que aportará información útil para su conservación y domesticación.

Proyecto Núcleo-INIA 502777-70

GPE 38

RECONSTRUCCIÓN DE LA HISTORIA EVOLUTIVA DE POBLACIONES RELICTAS DE *Gomortega keule* (Mol.) Baillon, ESPECIE AMENAZADA DE LOS BOSQUES DE CHILE

Narváez G.^{1,2}, Hasbún R.³, Saenz-Aguledo P.⁴. ¹Programa de Magíster en Ciencias, mención Genética de la Universidad Austral de Chile; ²Laboratorio de Genética y Ecología Molecular de la Universidad Austral de Chile; ³Laboratorio de Epigenética Vegetal, Departamento de Silvicultura de la Facultad de Ciencias Forestales de la Universidad de Concepción, Chile; ⁴Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas de la Universidad Austral de Chile. gabriela.narvaez.guinez@gmail.com

El territorio chileno es un escenario ideal para estudios que buscan entender cómo el ambiente ha influido en la distribución de las especies y en la estructuración genética de sus poblaciones, debido a su gran heterogeneidad ambiental presente tanto en escalas espaciales como en escalas temporales. Una especie interesante para estudiar ambas aproximaciones es *Gomortega keule* (Mol.) Baillon (queule), especie arbórea endémica de Chile, cuya área de distribución no supera los 250 km en latitud y se limita a la Cordillera de la Costa, encontrándose en un territorio altamente fragmentado. Esta especie, además, no cuenta con dispersores de sus frutos ni semillas, probablemente porque éstos dispersores pertenecieron a la megafauna extinta hace miles de años, por lo que hoy en día queule se considera una especie amenazada *en peligro* según la UICN. Es así como utilizamos la técnica GBS (*Genotyping By Sequencing*) para caracterizar la diversidad a nivel genómico mediante marcadores tipo SNP y a partir de esto reconstruir procesos históricos demográficos, además de evaluar si existen huellas genómicas que sugieran adaptación local a distintas condiciones ambientales. Encontramos que queule está estructurado en tres grupos genéticos altamente diferenciados a nivel latitudinal, encontrándose éstos al norte del río Maule, entre el río Maule y Biobío, y al sur del río Biobío. Estos resultados se discutirán en conjunto con los análisis de genómica del paisaje y demografía histórica, principalmente para entender las causas de la diferenciación de las poblaciones en la actualidad y a través del tiempo.

LIC FAO 1/2019; Centro de Investigaciones Forestales BIOFOREST S.A.

GPE 39

CARACTERIZACIÓN DE LA DESCENDENCIA DE UN POSIBLE HÍBRIDO CULTIVO-SILVESTRE ENTRE SORGO (*Sorghum bicolor*) Y SORGO DE ALEPO (*S. halepense*)

Pandolfo C.E.^{1,2}, Cantamutto M.A.^{1,2,3}, Suárez N.B.¹, Tillería S.^{1,2}, Irazusta J.¹, Ureta M.S.¹, Presotto A.^{1,2}. ¹Dpto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), CONICET, Argentina; ³E.E.A. Hilario Ascasubi, INTA, Argentina. cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

El sorgo de Alepo (*Sorghum halepense* -SA- $2n=4x=40$) es una especie cosmopolita, considerada una de las más agresivas malezas del mundo, que ha adquirido resistencia a herbicidas como el glifosato. El sorgo (*S. bicolor*, $2n=2x=20$) es el pariente cultivado que actualmente cuenta con cultivares con resistencia a inhibidores de la enzima AHAS en Argentina. El flujo génico entre el SA y estos cultivares podría generar malezas con una resistencia adicional, aumentando su dificultad de control. Durante 2014, se observó en una población de SA dispuesta sobre el margen norte de la RN33, la aparición de plantas fuera de tipo (FT), de mayor altura y sin dehiscencia de panoja. Se colectaron semillas y la descendencia de una planta FT fue criada en el campo experimental del Dpto. Agronomía (UNS), con el objetivo de caracterizar la progenie para detectar rasgos que permitan inferir procesos de hibridación con sorgo cultivado. Se evaluaron 32 rasgos morfológicos, luego se realizó un ensayo de dormición de semilla. La progenie de la planta FT se diferenció de un híbrido comercial control, por la alta variabilidad en varios rasgos morfológicos, algunos semejantes al cultivo y otros a la especie silvestre. Las plantas fueron altas ($174,0 \pm 5,3$ cm), macolladoras, con panojas abiertas y granos marrones; aunque se observaron panojas compactas y granos blancos. La semilla presentó una biomasa entre 24 y 12 mg y no mostró dormición, a diferencia del control SA. Estos resultados permitirían inferir un origen híbrido de las plantas FT.

UNS PGI 24/A244; FONCyT PICT-2017-0473

GPE 40

DETECCIÓN DE SNP CANDIDATOS PARA INTERACCIONES ECOLÓGICAS-EVOLUTIVAS EN VEGAS ALTOANDINAS DEL NORTE CHICO CHILENO

Petit M.¹, Notte A.M.¹, Espinoza M.I.², Gouin N.^{3,4}, Bertin A.¹. ¹Facultad de Ciencias, Departamento de Biología, Universidad de La Serena, Chile; ²Facultad de Artes Liberales, Departamento de Ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez, Chile; ³Instituto de Investigación Multidisciplinario en Ciencia y Tecnología, Universidad de La Serena, Chile; ⁴Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Chile. mariangeles.petit@userena.cl

Comprender las consecuencias ecológicas de la variación genética intraespecífica es un enfoque importante de la genética comunitaria. Sin embargo, el conocimiento sobre cómo la variación genética de plantas puede influenciar las dinámicas comunitarias y ecosistémicas en sistemas naturales no modelados es muy limitado. En este estudio, aplicamos métodos de *scan* genómicos de señales de selección para investigar las interacciones ecológico-evolutivas entre la planta *Carex gayana* y comunidades de plantas y macroinvertebrados de 17 vegas altoandinas chilenas. Para ello, generamos SNPs por RAD-seq en *C. gayana* para detectar loci que pueden estar implicados en estas interacciones, y analizamos la covariación de los alelos asociados a una alta diversidad de especies y su distribución a lo largo del área de estudio. Identificamos 30 loci candidatos para interacciones ecológica-evolutivas, principalmente asociados con la riqueza taxonómica. Solamente un SNP estaba correlacionado con la diversidad de ambas comunidades, todos los demás lo estaban con la diversidad de una u otra comunidad. Las frecuencias alélicas de la mayoría de estos SNPs no estaban correlacionadas, sugiriendo ausencia de ligamiento genético. Siete genes candidatos fueron identificados, involucrados en el desarrollo floral/reproductivo y respuestas al estrés. Los alelos asociados con alta diversidad específica se distribuyeron de manera heterogénea en la región de estudio, permitiendo detectar tres sitios de importancia para la conservación por tener o carecer de ellos. Nuestro estudio demuestra la utilidad de este enfoque para avanzar en la comprensión de las interacciones ecológicas-evolutivas en ecosistemas naturales y apoyar la conservación de su biodiversidad.

FONDECYT 1110514 y 3130761, Chile

GPE 41

EL PAPEL DE LA POLIPLOIDÍA EN LA DIVERSIFICACIÓN DE LAS PLANTAS HERBÁCEAS DEL DOMINIO CHAQUEÑO: EL CASO DE *Turnera sidoides*

Solis Neffa V.G.^{1,2}, Moreno E.S.^{1,2}, Silva G.C.¹, Via Do Pico G.¹, Kovalsky I.^{1,2}, Almirón E.N.¹, Roggero Luque J.M.¹, Fernández S.A.¹, Paredes E.N.¹, J.G. Seijo^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina. vsolneff@gmail.com

El Dominio Chaqueño posee una gran biodiversidad. Sin embargo, los procesos evolutivos que la originaron y mantienen aún permanecen en gran medida desconocidos. *Turnera sidoides* ($x=7$) ofrece un modelo apropiado para el estudio de dichos procesos, ya que su distribución coincide en gran parte con el Dominio Chaqueño. Este complejo de hierbas alógamas perennes cuenta con cinco subespecies y siete morfotipos que difieren morfológicamente y en su distribución geográfica. Además, presenta citotipos desde diploide hasta autooctoploide. A fin de contribuir a la comprensión de los procesos que originaron y mantienen la variación intraespecífica de *T. sidoides*, se realizaron análisis de modelado de nicho ecológico (presentes y pasados), citogeográficos y filogenéticos. En particular, se analizó el papel de la autoploidía en la evolución del complejo. Los resultados evidenciaron que *T. sidoides* se encuentra en un proceso activo de diversificación alopatrica a nivel diploide desde principios del Pleistoceno. La diversificación posterior implicó el surgimiento de series poliploides independientes en cada linaje morfológicamente divergente. Los citotipos de cada serie no difieren fenotípicamente entre sí, están aislados reproductivamente y ocurren en ambientes diferentes. Los resultados revelaron que la autoploidía no contribuyó significativamente a la diversificación de *T. sidoides* pero sí a la expansión geográfica de los linajes. Los taxones y citotipos de *T. sidoides*, aunque pertenecen a una misma especie taxonómica, son especies biológicas diferentes, sugiriendo que gran parte de la diversidad del Dominio Chaqueño puede permanecer oculta si sólo se considera el concepto taxonómico de especie en las estimaciones de biodiversidad.

CONICET PIP 11220120100192CO; FONCYT PICT 1812/12 y 2286/19; SGCyT UNNE P001/18

GPE 42

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE BIOTIPOS DE *Brassica rapa* CON RESISTENCIA A GLIFOSATO E IMIDAZOLINONAS

Tillería S.^{1,2}, Pandolfo C.^{1,2}, Presotto A.^{1,2}, Suárez N.¹, Ureta S.¹. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), CONICET, Bahía Blanca, Argentina. tilleria.sofia@gmail.com

Una limitante para el uso de cultivos resistentes a herbicidas es la presencia de especies maleza emparentadas con las que podría haber flujo génico. *Brassica rapa* es una maleza, presente en todo el territorio argentino. Al sur de Buenos Aires se hallaron poblaciones resistentes a imidazolinonas (IMI) y con resistencia transgénica a glifosato (GLI). El objetivo del trabajo fue determinar cambios fenotípicos en biotipos de *B. rapa* resistentes a herbicidas en comparación con susceptibles. Se realizó una caracterización morfológica, en jardín común, de una población resistente a GLI e IMI y 27 susceptibles, compuesta por biotipos silvestres de Argentina y cultivares de distintos países. A su vez, se evaluó la germinación de semillas de una población resistente a GLI y dos poblaciones resistentes a IMI y GLI, comparadas con 8 poblaciones susceptibles argentinas, a temperatura constante (17,5° C) y alterna (25-10° C), en condiciones de luz y oscuridad, usando como control 10 cultivares de distintos países. Se realizaron análisis de componentes principales y ANOVA. Morfológicamente, los genotipos cultivados tendieron a agruparse. La población resistente no se diferenció de los biotipos silvestres. En cuanto a la germinación, se encontraron diferencias significativas entre las temperaturas y los biotipos, sin evidenciar un patrón claro entre resistentes y susceptibles. En general, se observó mayor dormición a temperatura constante. Si bien las poblaciones resistentes adquirieron esta característica mediante flujo génico con el cultivo, rápidamente habrían recuperado el fenotipo silvestre. Se avanzará con estudios moleculares para dilucidar la estructura y el origen de estos biotipos resistentes.

GPE 43

EFECTO DE LA HIBRIDACIÓN INTRAESPECÍFICA Y DEL AMBIENTE DE SELECCIÓN SOBRE LA APTITUD DE *Raphanus sativus* (NABÓN)

Vercellino R.B.^{1,2}, Hernández F.^{1,2}, Presotto A.^{1,2}. ¹Departamento de Agronomía, Universidad del Sur, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), CONICET, Argentina. rbvercellino@cerzos-conicet.gob.ar

La hibridación entre poblaciones divergentes, especialmente entre cultivos y sus parientes silvestres/malezas, puede promover la rápida evolución adaptativa de las malezas. Sin embargo, el resultado evolutivo depende de la aptitud relativa de los híbridos, que puede ser afectada por el genotipo materno y el ambiente de selección. Para estudiar estos efectos en *Raphanus sativus* (rábano o nabón), se comparó la producción de biomasa seca aérea y fecundidad en híbridos recíprocos cultivo-maleza y sus progenitores. En condiciones de campo, se sembraron siete biotipos: un cultivo, dos poblaciones maleza, y sus híbridos recíprocos cultivo-maleza, en dos ambientes contrastantes, ruderal (simulando área disturbada no cultivada) y agrestal (competencia con trigo). Se compararon cuatro tipos de cruza: cultivo (C), maleza (M), e híbridos cultivo-maleza con madre cultivada (CxM) y maleza (MxC), respectivamente. En ambos caracteres, se detectaron diferencias entre biotipos y ambientes, pero no interacción ambiente por biotipo. En el ambiente ruderal, las plantas presentaron ~50% menor biomasa aérea y fecundidad que en el ambiente agrestal. En ambos ambientes, las malezas mostraron en promedio ~200% mayor biomasa aérea y fecundidad que el cultivo. Los híbridos recíprocos no mostraron diferencias significativas entre ellos, indicando la ausencia de efectos genéticos maternos, y ambas cruza mostraron 40% y 49% mayor biomasa aérea y fecundidad que las malezas, respectivamente. Nuestros resultados demuestran que la hibridación cultivo-maleza puede promover la evolución adaptativa, incrementando el potencial invasivo de las poblaciones ferales de *R. sativus*, tanto en ambientes agrestales como ruderales.

FONCYT PICT 2017-0473

GPE 44

SELECCIÓN FENOTÍPICA DE *Raphanus sativus* MALEZA (NABÓN) E HÍBRIDOS RECÍPROCOS CULTIVO-MALEZA EN DOS AMBIENTES CONTRASTANTES

Vercellino R.B.^{1,2}, Hernández F.^{1,2}, Presotto A.^{1,2}. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina; ²CERZOS, CONICET, Argentina. rbvercellino@cerzos-conicet.gob.ar

La hibridación cultivo-silvestre/maleza puede resultar en la introgresión de caracteres del cultivo en el germoplasma silvestre/maleza y promover la evolución adaptativa de estas poblaciones. Sin embargo, el grado de introgresión va a depender del efecto de los caracteres sobre la aptitud de los híbridos y del ambiente de selección. Para ello, se evaluó la selección fenotípica de 10 caracteres funcionales en *Raphanus sativus* (rábano o nabón) (días a floración y variables asociadas al tamaño de planta en etapas vegetativas y reproductivas), en dos ambientes contrastantes. Se evaluaron siete biotipos agrupados en cuatro tipos de cruza: cultivo, maleza e híbridos recíprocos cultivo-maleza, seleccionados en dos ambientes contrastantes: ruderal (simulando área disturbada no cultivada) y agrestal (competencia con trigo). Se encontraron diferencias significativas entre biotipos y ambientes para los 10 caracteres evaluados e interacción significativa en solo tres caracteres. Todos los caracteres experimentaron selección direccional positiva, favoreciendo plantas más grandes y floración tardía. La intensidad de selección fue mayor en el ambiente ruderal ($|S'|_{media} = 0,703$) que en el agrestal ($|S'|_{media} = 0,417$) y fue similar entre híbridos recíprocos y malezas, sugiriendo que ambos tipos de cruza tienen variación suficiente para que actúe la selección. La mayoría de los caracteres experimentaron selección no-lineal, estabilizadora en el ambiente ruderal ($C'_{media} = -0,437$) y disruptiva en competencia con trigo ($C'_{media} = 0,258$). Nuestros resultados demuestran que la hibridación cultivo-maleza puede promover la introgresión adaptativa de ciertos caracteres funcionales, incrementando el potencial invasivo de las poblaciones ferales de *R. sativus* en ambientes agrestales y ruderales.

FONCYT PICT 2017-0473

GPE 45

POPULATION GENOMIC ANALYSIS OF LOCOTO CHILE (*Capsicum pubescens*): NEW INSIGHTS ON ITS DIVERSITY AND GEOGRAPHIC CLUSTERING

Palombo N.E., Carrizo García C.!. ¹Universidad Nacional de Córdoba - CONICET, Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, Córdoba, Argentina. npalombo@imbiv.unc.edu.ar

The hot chile *Capsicum pubescens* is mainly cultivated in Central-South America's mid-highlands, from Mexico to northwest Argentina. Despite being a crop of economic and cultural importance, little is known about its evolution and the genetic diversity and structure it harbors. Thus, RAD-sequencing technology was applied to generate genomic single nucleotide polymorphism (SNP) data from 67 samples of locoto chile cultigens from different Latin American countries, to characterize the diversity and genomic structure of the species throughout its range of distribution/cultivation. After applying various information content and quality filters, 14,62 SNPs (out of 183569) were retained and used for population inferences. Three geographically structured main groups were distinguished, associated with a North-South distribution pattern: G1) cultigens from Central America to Mexico, G2) from Ecuador, Peru, to central-western Bolivia, G3) from central-southern Bolivia to Argentina. The AMOVA showed a moderate degree of divergence between the inferred clusters, while the pairwise F_{ST} values were consistent in showing a correlation between genetic and geographic distance. A high level of admixture/shared ancestry was also detected, mainly in G2 that presented higher genetic diversity. Indeed, G2 includes individuals from La Paz (Bolivia) surroundings with a broad morphological variation, including the smallest and fleshiest fruits, which suggests that new and extensive expeditions in central-western Bolivian highlands are needed to gain a better understanding of *C. pubescens* origin and diversification. Overall, this study provides new genome-wide supported insights into the diversity and differentiation of the locoto chile and will be useful for conservation and management strategies.

FONCYT PICT 2015-3022, Argentina; FWF, Lise Meitner M2282-B29, Austria

Otros / Others

GPE 46

UNA NUEVA POBLACIÓN NATIVA DE LA LEVADURA *Saccharomyces uvarum* BAJO PROCESO DE ESPECIACIÓN

Peña T^{1,2}, P. Villarreal^{1,2}, F. Cubillos^{1,2}. ¹Facultad de Química y Biología, Departamento de Biología, Universidad de Santiago de Chile, Chile; ²Instituto Milenio de Biología Integrativa, Chile. tomas.pena@usach.cl

La constante actualización de información genómica y los avances en herramientas bioinformáticas han permitido novedosos estudios en torno a la historia filogenómica de diversas especies de levaduras, permitiendo identificar procesos de especiación entre ellas. La Patagonia ha demostrado ser un reservorio de levaduras criotolerantes, tales como *Saccharomyces eubayanus* y *Saccharomyces uvarum*, con altos niveles de diversidad genética y múltiples subpoblaciones. Ambas especies son utilizadas en la industria cervecera y vínica, respectivamente. Hasta la fecha se han descrito tres subpoblaciones de *S. uvarum*: Sudamérica, Holártica y Australasia; entre ellas, se ha descrito que la mayor diversidad se encuentra en Sudamérica. Recientemente, nuestro grupo ha aislado diversas cepas de *S. uvarum* desde localidades costeras del Pacífico. Este nicho biológico se caracteriza por la presencia de diversas especies endémicas, cuyos ancestros se encuentran asociados al súper continente Gondwana, a partir del cual se produjo especiación por aislamiento geográfico. Por medio de la construcción de un ensamblaje *de novo* empleando la tecnología Nanopore, acoplado con secuenciación por medio de Illumina, se demostró que estos aislados son genéticamente divergentes de aquellos aislados actualmente descritos en Patagonia. Adicionalmente, nuestros resultados indican que estos nuevos aislados se agrupan a nivel filogenético junto con las cepas de *S. uvarum* de Australasia, lo que se correlaciona con la huella de Gondwana en la diversidad de *S. uvarum* alrededor del planeta. Teniendo esto en consideración, hipotetizamos que esta subpoblación endémica estaría en proceso de especiación, por lo que podría poseer características novedosas con el potencial de ser empleada en la elaboración de bebidas alcohólicas.

GPE 47

EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD POBLACIONAL Y FENOTÍPICA DE LA LEVADURA NO CONVENCIONAL *Lachancea cidri*

Villarreal P.^{1,3}, C. Villarroel^{1,3}, J. Ruiz^{2,3}, C. Varela^{4,5}, F. Cubillos^{1,3}.

¹Química y Biología, Biología, Universidad de Santiago de Chile, Chile; ²Instituto de Ciencias Ambientales, Universidad Austral de Chile, Chile; ³Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Chile; ⁴The Australian Wine Research Institute, Australia; ⁵Department of Wine and Food Science, University of Adelaide, Australia. pablo.villarreal.d@usach.cl

Explorar la diversidad genética de las especies no modelo es esencial para conocer mejor la variación en la historia de las poblaciones naturales y la relación genotipo-fenotipo. En este contexto, la levadura *Lachancea cidri* representa un organismo atractivo para evaluar la variación genética relacionada con el origen geográfico y ecológico. *L. cidri* es una especie situada filogenéticamente antes de la duplicación del genoma completo en el subfilo Saccharomycotina, con un alto potencial biotecnológico dada su capacidad de soportar el estrés en condiciones de fermentación. En el presente trabajo presentamos una secuencia *de-novo* de aislados nativos obtenidos en la Patagonia Chilena. Adicionalmente, estudiamos la caracterización genotípica y fenotípica de aislados de *L. cidri* procedentes de bosques de Europa, Australia y Chile. Secuenciamos el genoma completo de 55 aislados, 30 chilenos y 25 australianos; utilizando como referencia la cepa francesa CBS2950. La filogenia obtenida demostró que las cepas sudamericanas (SoAm) están genéticamente separadas de las australianas y europeas. Los análisis de estructura poblacional mostraron la presencia de dos linajes en la especie según su distribución geográfica. Un Análisis de Componentes Principales mostró diferentes sublinajes en la población de SoAm y parámetros como π y F_{ST} , indicaron una gran diversidad genética. Por último, un estudio de fermentación demostró el potencial de la especie para fermentar hidromiel, una nueva aplicación biotecnológica. En conjunto, estos resultados muestran la importante diversidad genotípica y fenotípica presente en *L. cidri* de la Patagonia y sugieren que el origen geográfico, así como el ecológico, son determinantes en las variaciones genéticas entre cepas.

FONDECYT 3200575