

(Formerly MENDELIANA)



December 2022
Volume XXXIII
Issue 2 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6322

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**



Journal of the Argentine Society of Genetics
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

www.sag.org.ar/jbag
Buenos Aires, Argentina



BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXIII - No. 2 (suppl.)

December 2022

Included in:

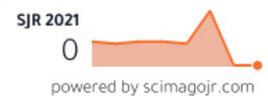


Cited by:



BAG - Journal of Basic and Applied Genetics

Not yet assigned quartile



Comité Editorial

Editor General:

Dra. Elsa L. Camadro

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Mar del Plata
Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas
Balcarce, Argentina
bag.editor@sag.org.ar

Editores Asociados:

Citogenética Animal

Dra. Liliana M. Mola

Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad Nacional de Buenos Aires. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina
limola@ege.fcen.uba.ar

Citogenética Vegetal

Dr. Julio R. Daviña

Instituto de Biología Subtropical. Universidad Nacional de Misiones. Posadas, Argentina
juliordavina@fceqyn.unam.edu.ar

Genética de Poblaciones y Evolución

Dr. Juan César Vilardi

Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad Nacional de Buenos Aires. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina
vilardi@bg.fcen.uba.ar

Genética Humana, Médica y Citogenética

Dra. Silvia Adela Ávila

Hospital Castro Rendón. Universidad Nacional del Comahue. Neuquén, Argentina.
silvia347@gmail.com

Dra. María Inés Echeverría

Instituto de Genética. Facultad de Ciencias Médicas. Universidad Nacional de Cuyo. Mendoza, Argentina
miecheve@fcm.uncu.edu.ar

Dr. José Arturo Prada Oliveira

Facultad de Medicina. Departamento de Anatomía Humana y Embriología. Universidad de Cádiz. Cádiz, España
arturo.prada@uca.es

Dr. Bernardo Bertoni Jara

Facultad de Medicina. Universidad de la República, Montevideo, República Oriental del Uruguay
bbertoni@fmed.edu.uy

Genética Molecular (Animal)

Dr. Guillermo Giovambattista

Instituto de Genética Veterinaria. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de La Plata. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas La Plata, Argentina
ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

Genética Molecular (Vegetal)

Dr. Alberto Acevedo

Centro de Investigación de Recursos Naturales. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Castelar, Argentina
acevedo.alberto@inta.gob.ar

Dr. Andrés Zambelli

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Mar del Plata. Balcarce, Argentina
andres.zambelli@mdp.edu.ar

Genética y Mejoramiento Animal

Dra. Liliana A. Picardi

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Rosario. Zavalla, Argentina
lpicardi@unr.edu.ar

Dra. María Inés Oyarzábal

Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de Rosario. Rosario, Argentina
moyazabr@unr.edu.ar

Genética y Mejoramiento Genético Vegetal

Dra. Natalia Bonamico

Facultad de Agronomía y Veterinaria. Universidad Nacional de Río Cuarto. Río Cuarto, Argentina
nbonamico@ayv.unrc.edu.ar

Dr. Ricardo W. Masuelli

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Cuyo. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Mendoza, Argentina
rmasuelli@fca.uncu.edu.ar

Dr. Rodomiro Ortiz

Department of Plant Breeding. Swedish University of Agricultural Science. Uppsala, Suecia.
rodomiro.ortiz@slu.se

Dra. Mónica Poverene

Departamento de Agronomía. Universidad Nacional del Sur. Bahía Blanca, Argentina
poverene@criba.edu.ar

Dr. Pedro Rimieri

Profesional Asociado, Asesor Científico – Técnico. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino, Buenos Aires, Argentina
primieri730@gmail.com

Mutagénesis

Dr. Alejandro D. Bolzán

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis. Instituto Multidisciplinario de Biología Celular. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. La Plata, Argentina.
abolzan@imbice.gov.ar

Mutaciones Inducidas en Mejoramiento Vegetal

Ing. Agr. (M.Sc.) Alberto Raúl Prina

Instituto de Genética "Ewald A. Favret". Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Castelar, Argentina.
prina.albertoraul@inta.gob.ar

Consultores Estadísticos:

Dr. David Almorza

Facultad de Ciencias del Trabajo, Departamento de Estadística e Investigación Operativa. Universidad de Cádiz. Cádiz, España
david.almorza@uca.es

Dra. María Purificación Galindo Villardón

Facultad Medicina, Campus Miguel de Unamuno. Universidad de Salamanca. Salamanca, España
pgalindo@usal.es

Secretaría de Redacción:

Dra. María de las Mercedes Echeverría

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Mar del Plata. Balcarce, Argentina
mecheverria@mdp.edu.ar

Diseño y maquetación:

Mauro Salerno

maurosalerno92@gmail.com

Corrección de estilo:

Dra. Gabriela A. Leofanti

leofanti.gabriela@inta.gob.ar

Imagen de tapa:

Baño en el Iberá

J. Federico Maune

Comité Científico

Dra. Viviana G. Solís Neffa

Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), FACENA - Universidad Nacional del Nordeste.

Dr. Pablo Mele

Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires (UBA-CONICET).

Dra. Silvia Ávila

Hospital Provincial de Neuquén, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue.

Dra. Florencia Giliberto

Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires.

Med. Alejandra Mampel

Instituto de Genética, Hospital Universitario, UN de Cuyo, Mendoza.

Dr. Ezequiel Bossio

INTA. Instituto de Genética-IGEAF, Hurlingham.

Dr. Guillermo Giovambatista

I GEVET (FCV-UNLP-CONICET), Buenos Aires.

Dra. Liliana A. Picardi

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe.

Dra. María Soledad Ureta

Departamento Agronomía, UN del Sur, CERZOS-CONICET, Buenos Aires.

Dra. Mónica Poverene

Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca.

Dr. Juan César Vilardi

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Buenos Aires, CONICET, Buenos Aires.

Dr. Pedro Rimieri

Profesional Asociado, Asesor Científico-Técnico. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino, Buenos Aires.

Ing. Agr. Ezequiel Grassi

Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, INIAB (CONICET-UNRC), Córdoba.

Dra. María Silvia Tacaliti

Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, CISaV, Buenos Aires.

Dra. Natalia Bonamico

Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, INIAB (CONICET-UNRC), Córdoba.

Dra. María Andrea Tomás

IDICAL (INTA-CONICET), Santa Fe.

Dra. Marina Díaz

Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur. CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires.

Dr. Mauro Lifschitz

IDICAL (INTA-CONICET), Santa Fe.

Dra. Gabriela Breccia

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

Dr. Javier Pereira da Costa

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

Dr. Guillermo Pratta

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

Dr. Vladimir Cambiaso

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

Dra Ana Ochogavía

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR)

Dr. Gustavo Rodríguez

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

Comisión organizadora local

Dr. Guillermo Seijo

FACENA (UNNE)
IBONE (UNNE-CONICET)

Dra. Evelin Kovalsky

FACENA (UNNE)
IBONE (UNNE-CONICET)

Dra. Gisella Via do Pico

IBONE (UNNE-CONICET)

Dra. Sara Moreno

FACENA (UNNE)
IBONE (UNNE-CONICET)

Dra. Patricia Novo

FCA (UNNE)
IBONE (UNNE-CONICET)

Dra. María Irma Hidalgo

FCA (UNNE)
IBONE (UNNE-CONICET)

Ing. Agr. Florencia Galdeano

FCA (UNNE)
IBONE (UNNE-CONICET)

Dra. Verena Reutemann

IBONE (UNNE-CONICET)

Dra. Emilia Noelia Almirón

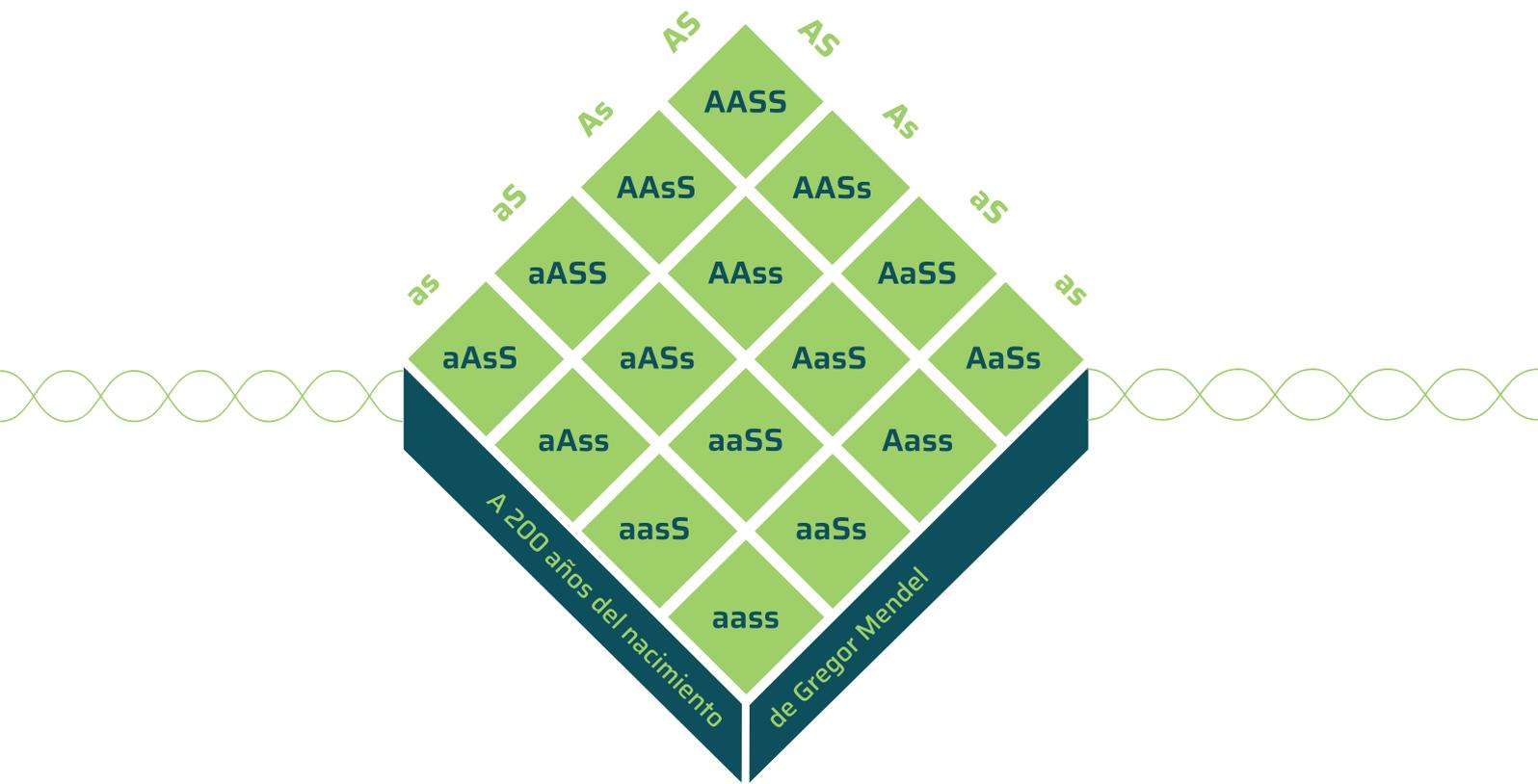
FACENA (UNNE)
IBONE (UNNE-CONICET)

Mgter. Federico Agostini

FACENA (UNNE)
IBONE (UNNE-CONICET)

Srta. Zara Brunel

Instituto Médico Forense – Poder Judicial de Corrientes



L CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA



II JORNADAS REGIONALES SAG-NEA

2 al 5 de octubre de 2022

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste, Campus Deodoro Roca, Avenida Libertad 5460 - Corrientes.

Organizadores



SAG

Sociedad Argentina de Genética

Subsidios otorgados:



Agencia I+D+i
Agencia Nacional de Promoción
de la Investigación, el Desarrollo
Tecnológico y la Innovación

FONCYT

Fondo para la Investigación
Científica y Tecnológica

Patrocinios:



Declarada de Interés por:



Contenidos

9	CONFERENCIAS	
14	SIMPOSIOS	
50	FOROS	
56	COMUNICACIONES LIBRES	
56	CA. CITOGÉNÉTICA ANIMAL	
59	CH. CITOGÉNÉTICA HUMANA	
63	CV. CITOGÉNÉTICA VEGETAL	
67	FG. FARMACOGÉNÉTICA	
70	GMO. GENÉTICA DE MICROORGANISMOS	
76	GPE. GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN	
90	GH. GENÉTICA HUMANA	
97	GM. GENÉTICA MÉDICA	
110	GV. GENÉTICA VEGETAL	
122	GEDU. GENÉTICA Y EDUCACIÓN	
126	GMA. GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL	
133	GGM. GENÓMICA Y GENÉTICA MOLECULAR	
146	MV. MEJORAMIENTO VEGETAL	
173	MCTA. MUTAGÉNESIS, CARCINOGENESIS Y TERATOGENESIS AMBIENTAL	

CONFERENCIAS

CONFERENCES

CONFERENCIA DR. FRANCISCO SÁEZ.

GENÉTICA Y GENÓMICA: TRANSVERSAL A TODAS LAS ÁREAS

Solano A. Genotipificación, Departamento de Análisis Clínicos, Centro de Educación Médica e Investigación Clínica "Norberto Quirno" (CEMIC), CABA. E-mail: drsolanoangela@gmail.com

El Dr. Mendel hizo descubrimientos que ni él siquiera imaginó la trascendencia que tendrían. Por ello seguimos mencionando herencia mendeliana aun hoy. La comprensión y práctica global de la genética y genómica ha experimentado cambios revolucionarios desde hace décadas. Estos avances se traducen en la denominada medicina genómica y significa cambiar la atención a un enfoque específico en pacientes que comparten un perfil genómico, donde las decisiones se basan en la información clínica y molecular para avanzar en la prevención, el diagnóstico y el tratamiento. Importante es el valor de compartir los datos en bases de acceso libre como la forma de contribuir al adelanto de la genética y genómica. Es crucial analizar las variantes genéticas en pseudogenes, ya que la presencia de una variante patogénica en un pseudogen es irrelevante. De actual importancia es analizar bioquímicamente la variación en el número de copias, ya que se ha incorporado en los informes de secuenciación. Los hallazgos en cardiogenética han cambiado la estrategia en las enfermedades cardiológicas ya que habilitan la prevención. Las enfermedades hereditarias autosómicas tienen gran valor ya que de cada caso analizado se benefician los familiares al 10% del costo y con 100% de definición. Los portadores pueden tener medidas preventivas y los no portadores tienen el alivio de entrar en el riesgo de la población general. En conclusión: la genética y la genómica es transversal a todas las áreas de la medicina y transitamos una era en total expansión que es compromiso y gozo para nosotros, los genetistas.

CONFERENCIA E. FAVRET.

NUEVAS FUENTES DE VARIABILIDAD GENÉTICA PARA MODIFICAR CARACTERÍSTICAS DEL FRUTO EN TOMATE

Rodríguez G.R. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Rosario, Argentina; Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR -CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Rosario, Argentina. Email: grodrig@unr.edu.ar

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es una especie modelo para estudios genéticos, especialmente para caracteres del fruto, y el mejoramiento de los cultivos. Sus frutos juegan un rol importante en la nutrición y son considerados un reservorio de compuestos benéficos para la salud. En los programas de mejoramiento genético, la generación de variabilidad es la etapa inicial y fundamental para su éxito. El germoplasma silvestre fue utilizado principalmente como fuente de genes de resistencia para enfermedades y plagas, pero nuestro grupo de trabajo las utiliza para desarrollar nuevos cultivares con características de fruto superiores en términos de vida poscosecha, caracteres organolépticos, y nutricionales. Los cruzamientos y su dirección son otra fuente de variabilidad genética. Nuestros resultados demuestran la posibilidad de obtener híbridos con heterosis y alto contenido de metabolitos relacionados al sabor del tomate y componentes nutricionales. Además, la elección de un cultivar como parental femenino o masculino en un cruzamiento afecta la acumulación de metabolitos o la determinación de caracteres agronómicos en los frutos. Finalmente, la creación de alelos mediante edición génica puede ser útil para la mejora de los cultivos. Hemos demostrado el enorme potencial de la ingeniería *cis* mediada por *CRISPR/Cas* en generar variabilidad para el peso del fruto. Durante la ponencia mostraré cómo los genes de especies silvestres, la dirección de los cruzamientos y la edición génica de regiones reguladoras generan variabilidad para características del fruto en tomate.

PERSPECTIVA CULTURAL Y SEMIÓTICA DE LAS DISMORFIAS Y SU REPRESENTACIÓN EN LAS OBRAS DE ARTE

Dipierri J.E. Facultad de Humanidades y Ciencias Sociales, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy, Argentina.
E-mail: jedjujuy@gmail.com

El arte y la genética están estrechamente relacionados por el interés de analizar cómo las enfermedades genéticas de los artistas han afectado su producción o cómo son representadas estas enfermedades por los artistas. Sin embargo, las conexiones entre el arte y la genética para reconstruir la historia cultural han sido poco exploradas. Se abordarán cuatro obras del Renacimiento y Barroco que representan trastornos genéticos para intentar analizar la mentalidad, el sentido de observación y los interrogantes culturales suscitados por el fenómeno genético de las dismorfias y su representación en las obras de arte. Se realizará un análisis de las obras de acuerdo al método Iconográfico-Iconológico de Panofsky (1983). Para describir los signos de las enfermedades representadas se recurrirá al vocabulario estandarizado de *Human Phenotype Ontology* (HPO) y las representaciones pictóricas de los síndromes se contrastarán con las imágenes fotográficas correspondientes del Atlas *Smith's Recognizable Patterns of Human Malformation*. Se destacará el valor semiótico mimético y expresivo de las obras, tanto para alcanzar diagnósticos genéticos de certeza como para reconstruir la mentalidad de autores y del entorno social en relación a los sujetos con dismorfias y trastornos genéticos.

GREGOR JOHANN MENDEL: IMAGINACIÓN Y VISIÓN PARA SINTETIZAR CONOCIMIENTO E INFORMACIÓN

Rimieri P. Ex Investigador INTA, Asesor Científico INASE y postgrados universitarios.

Bajo la premisa “Mendel, vigente a 200 años de su nacimiento”, se analizarán las consecuencias de sus principios sobre la selección en plantas. Sus experimentos, basados en observación, imaginación y visión, definieron el concepto de herencia que dio origen a la genética como disciplina. Imaginó, además, la base física de la herencia, eligiendo los cruzamientos en una planta autógama. Analizó fenotipos y sus proporciones en la descendencia, para determinar la segregación (por primera vez) y la distribución independiente de “elementos” o “factores hereditarios” que fueron definidos *a posteriori*. La selección empírica y la hibridación, concentraban el interés de los biólogos de plantas en la época de Mendel. El mejoramiento vegetal, en la primera mitad del siglo XX tuvo avances extraordinarios. En ese periodo e históricamente, la selección era fenotípica. El avance de la genética molecular en las últimas décadas, permitió combinar fenotipos con información del ADN para seleccionar con más eficiencia y rapidez, genotipos superiores. Así, siglos de domesticación y selección empírica, evolucionaron desde el redescubrimiento de Mendel. El mejoramiento vegetal moderno, es un proceso metodológico altamente tecnificado, con conocimiento e información como nunca antes. Se ampliará lo referido a selección y su complejidad por efectos ambientales variables y manejos agronómicos diversos, remarcando que el mejoramiento es demandante de cuanta tecnología de la biología y la genética estén disponibles para utilizarla como herramienta, con una porción de selección empírica que subsiste.

AVANCES EN EL DIAGNÓSTICO GENÉTICO DE LA HIPERTENSIÓN ARTERIAL PULMONAR

Tenorio J.A.^{1,2,3}. ¹Instituto de Genética Médica y Molecular (INGEMM), Instituto de Investigación Hospital Universitario La Paz (IdiPaz), Hospital Universitario La Paz, Madrid, España; ²Centro de Investigación Biomédicas en Red de Enfermedades Raras (CIBERER), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España; ³Red Europea de Referencia de malformaciones congénitas raras y discapacidades intelectuales raras (ITHACA), París, Francia
E-mail: jairantonio.tenorio@salud.madrid.org, jaira.tenorio@salud.madrid.org

La hipertensión arterial pulmonar (HAP) es una enfermedad cardiopulmonar poco frecuente, grave e incurable, con una etiología y una expresividad clínica variables, por lo cual el diagnóstico clínico suele ser complicado. La HAP se caracteriza por un aumento de la presión media de la arteria pulmonar, insuficiencia respiratoria progresiva, hipertrofia del ventrículo derecho, provocando insuficiencia cardíaca y muerte prematura. La clasificación actual, basada en las características clínicas, no refleja el perfil molecular subyacente de estos pacientes. En la clasificación se incluyen varios subgrupos que comparten un cuadro clínico similar: HAP idiopática (sin una causa conocida), HAP hereditaria, cuando hay agregación familiar o se relaciona con una alteración genética, y otras formas de HAP asociadas a diversas condiciones. Los estudios genéticos han permitido identificar varios genes asociados a la enfermedad, principalmente en las formas idiopáticas y hereditarias, pero también en las otras entidades. A partir de los estudios de secuenciación masiva paralela (NGS) en HAP se describieron nuevos genes causales y de susceptibilidad relacionados con la HAP, mejorando el diagnóstico. Con el fin de implementar el diagnóstico molecular de los pacientes con HAP, muchos laboratorios, incluido el nuestro, han desarrollado estrategias para utilizar paneles de NGS personalizados, secuenciación del exoma completo, o incluso secuenciación del genoma completo y la realización de estudios funcionales. En esta presentación se discutirán los avances en el diagnóstico genómico de la HAP.

FARMACOGENÓMICA Y SUS APLICACIONES CLÍNICAS: ¿HACIA DÓNDE VAMOS?

Quiñones L.A. Laboratorio de Carcinogénesis Química y Farmacogenómica, Departamento de Oncología Básico-clínica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile; Red Latinoamericana de Implementación y Validación de Guías Farmacogenómicas (RELIVAF-CYTED); Sociedad Latinoamericana de Farmacogenómica y Medicina Personalizada (SOLFAGEM); Sociedad Chilena de Genética (SOCHIGEN); Red Latinoamericana de Genética Humana (RELAGH).

La variabilidad individual y/o poblacional en la eficacia y seguridad de los medicamentos puede ser explicada, en gran medida, por factores genéticos. Los polimorfismos en genes (SNPs, InDels, CNVs, etc) que codifican proteínas que influyen en la farmacocinética y la farmacodinamia de medicamentos afectan los resultados clínicos. En este sentido, la dosificación de agentes terapéuticos podría mejorarse mediante la comprensión de los “farmacogenes” y su evaluación junto a parámetros sociodemográficos y clínicos en modelos multifactoriales de predicción de respuesta terapéutica o dosificación. Al respecto, resulta muy relevante además el considerar el impacto de la etnicidad y los factores ambientales (epigenéticos). Como beneficio agregado, un uso más racional de medicamentos, junto con acciones para minimizar los eventos tóxicos en pacientes y sus consecuencias, puede reducir drásticamente los costos, un aspecto fundamental en países emergentes. En esta conferencia se presenta el estado del arte respecto a esta disciplina en el mundo y en Latinoamérica, y se ejemplifican diversos protocolos locales de aplicación clínica con objeto de mostrar cómo utilizar y aplicar, en la consulta clínica diaria, herramientas farmacogenómicas para mejorar la eficacia y seguridad del tratamiento farmacológico. Además, se presenta una descripción general de las tendencias actuales en el mundo y se debate acerca de las direcciones futuras de la farmacogenómica como herramienta de medicina de precisión.

LA GENÉTICA FORENSE Y SU ROL EN LA ADMINISTRACIÓN DE JUSTICIA: ESTADO ACTUAL Y NUEVOS DESAFÍOS EN LA ARGENTINA

Bozzo W.R. Laboratorio de Análisis Comparativo de ADN, Asesoría Pericial Departamental La Plata, Dirección General de Asesorías Periciales, Suprema Corte de Justicia de la Provincia de Buenos Aires, La Plata, Provincia de Buenos Aires, Argentina. E-mail: wrbozzo@yahoo.com.ar

El análisis de ADN en el ámbito de la Administración de Justicia ha adquirido una importancia de primera magnitud en la resolución de ciertos casos judiciales, tanto en la investigación biológica de la filiación como en la identificación de indicios biológicos de interés forense, que en su mayor parte involucran delitos contra la libertad individual. El estudio de ciertas secuencias variables, en su mayoría marcadores genéticos de tipo microsatélites, analizados mediante electroforesis capilar, son las herramientas que se utilizan actualmente de rutina para resolver las distintas pericias encomendadas por las autoridades judiciales. La llamada “Prueba del ADN” consiste en realizar el cotejo o comparación entre los perfiles genéticos obtenidos de las muestras dubitadas con aquellas de referencia. En Argentina, en los últimos años se ha creado un gran número de laboratorios de Genética Forense dependientes de los distintos poderes judiciales provinciales. Algo similar ocurre con las bases de datos de investigación criminal, aunque, con muy pocas excepciones, las mismas se encuentran en etapas iniciales de desarrollo. La incorporación de nuevas tecnologías como el análisis de marcadores fenotípicos y las técnicas que involucran secuenciación de próxima generación (NGS) se encuentran en una etapa muy temprana de su implementación. En conclusión, en Argentina la Genética Forense presenta un crecimiento muy activo y progresivo, siendo una herramienta esencial y de fundamental importancia al momento de impartir Justicia.

Espacio de divulgación JBAG: DE MENDELIANA A BAG, UNA HISTORIA DE COMPROMISO, LIMITACIONES, Y DESAFÍOS

Camadro E.L. Editora General de BAG. *Journal of Basic and Applied Genetics*, Sociedad Argentina de Genética, Argentina. E-mail: bag.envio@sag.org.ar

La publicación científica debería ser el producto final de toda investigación porque la validación y exposición a audiencias amplias contribuyen al mejoramiento de la calidad de las investigaciones. Por eso, la SAG creó la revista *Mendeliana* como órgano oficial para publicar -en castellano y en forma impresa- trabajos científicos de alta calidad de genetistas argentinos e hispanoamericanos. El primer fascículo se publicó en 1976. Dos décadas más tarde, se modificó el nombre a *Journal of Basic and Applied Genetics (BAG)* para propiciar el alcance internacional incluyendo trabajos en inglés. A partir de 2010 -registrada como *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics*- la revista se publica sólo electrónicamente, con acceso abierto (OAJ) y licencia *Creative Commons (CC)*, en *SciELO (Scientific Electronic Library)* y, desde 2019, en micrositio propio. Integra el Núcleo Básico de Revistas Científicas del CONICET; por ello, está sujeta a acreditaciones periódicas según protocolos latinoamericanos, lo que permitió su inclusión en el Directorio de Revista de Acceso Abierto (DOAJ). En esta disertación se presentarán datos estadísticos para mostrar la evolución según temas y países o regiones de origen de las investigaciones, entre otros, en 32 volúmenes publicados (dos fascículos/año y suplementos con actas de congresos nacionales y latinoamericanos desde 2012), la situación actual, las limitaciones para la adecuación a protocolos internacionales considerando el objetivo de su creación, y los desafíos para sostener la publicación, manteniendo la calidad académica que concibieron los fundadores.

SIMPOSIOS

SYMPOSIA

HERRAMIENTAS TECNOLÓGICAS EN EL MEJORAMIENTO DEL ALGODÓN Y EL TRABAJO MULTIDISCIPLINARIO INTEGRANDO LA RELACIÓN PÚBLICO-PRIVADO AL ALCANCE DEL PRODUCTOR

Coordinador: Salerno J.C. Instituto de Genética "Ewald A. Favret", INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; USAL, Buenos Aires, Argentina; UM, Buenos Aires, Argentina. E-mail: salernojc@hotmail.com

El algodón, *Gossypium* spp., ha sido cultivado por su fibra por más de 7.000 años y, a pesar de la disponibilidad creciente de fibras sintéticas, continúa siendo el recurso textil de mayor importancia en el mundo. Además, por cada kilogramo de fibra producido se generan aproximadamente 1,65 kg de semilla, la que por su alto contenido de aceite (21%) representa la tercera fuente de aceite comestible. Las especies de mayor importancia económica son tetraploides y representan el 96% de la superficie destinada a producir fibra, siendo *G. hirsutum* L. la que ocupa más del 90% del área de siembra en el mundo. Argentina representa menos del 1% de la producción mundial de fibra, variando este valor en las diversas campañas, sin embargo, el cultivo es una de las economías regionales de mayor importancia en las provincias del NEA. El fundamento de presentar este simposio radica en poner en conocimiento el avance que ha tenido el programa de mejoramiento genético en un cultivo no tradicional con la incorporación de herramientas tecnológicas y el trabajo multidisciplinario, integrando la relación público y privado y llegando a obtener un producto al alcance del productor.

ESTRATEGIAS DE GENERACIÓN DE NUEVAS VARIEDADES CON MEJORAS TECNOLÓGICAS PARA APALANCAR EL MANEJO PRODUCTIVO DEL PRODUCTOR ALGODONERO.

Vaquero P.A. Gensus S.A., Avia Terai, Chaco, Argentina. E-mail: pvaquero@gensus.com.ar

Una de las claves para mantener la competitividad del cultivo de algodón consiste en poder ofrecer al productor semillas que contengan un potencial mayor de rendimiento. Este objetivo se cumple por la conjunción de cuatro factores clave como son: germoplasma, eventos biotecnológicos, tratamiento profesional de semilla y manejo adecuado. Compartiremos la estrategia de una empresa nacional como Gensus, que desde su nacimiento en 2016 ha puesto su foco en la búsqueda de estos factores. Haremos hincapié en los dos primeros, germoplasma y eventos biotecnológicos, y compartiremos las acciones llevadas a cabo con instituciones públicas como el INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria), ministerios provinciales, *startups* de tecnología de edición génica, y con instituciones de financiamiento para desarrollo tecnológico como el FONTAR (Fondo Tecnológico Argentino). La intención es abrir a científicos, técnicos, emprendedores y funcionarios relacionados con la investigación, desarrollo y promoción de cultivos regionales, el abanico de posibilidades existentes para construir espacios colaborativos que desemboquen en soluciones reales que lleguen a manos de los agricultores en el campo. Si bien muchas de estas acciones están aún en sus primeras fases de desarrollo, hemos conseguido importantes logros que han permitido posicionar nuevamente al cultivo del algodón como un cultivo regional competitivo, sustentable y con futuro, gracias al lanzamiento de nuevas variedades desarrolladas por el INTA Saenz Peña y con nuevas variedades y eventos para las próximas campañas.

SEMIOQUÍMICOS INVOLUCRADOS EN ATRACCIÓN Y REPELENCIA DEL PICUDO DEL ALGODONERO

Nussenbaum A.L., F. Devescovi, G.E. Bachmann, J.C. Salerno, D.F. Segura. Instituto de Genética "E.A. Favret", INTA, GV-IABIMO, CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. E-mail: nussenbaum.ana@inta.gov.ar

Nos encontramos ante nuevos desafíos en la producción agrícola, debido a un aumento de la población, y por lo tanto de la demanda, pero a la vez con una mayor concientización del cuidado del medio ambiente. Esto hace imprescindible adaptar el manejo a nuevas tecnologías que permitan disminuir la utilización de insecticidas químicos y la posible contaminación ambiental o consecuencias sobre la salud humana. Los semioquímicos son compuestos químicos que portan información vital para los organismos, produciendo diferentes respuestas comportamentales a los mismos. Existen numerosos ejemplos de semioquímicos que atraen, repelen y hasta confunden a los insectos plaga, reduciendo su impacto. Su naturaleza hace que sean altamente específicos (solo actúan sobre insectos blanco) y de bajo impacto ambiental. El picudo del algodón, *Anthonomus grandis* Boheman (Coleoptera: Curculionidae), es una importante plaga que afecta al cultivo de algodón en Argentina. El picudo posee un complejo sistema de comunicación a través de señales químicas, utilizando en la práctica cebos feromonales como importante herramienta para el monitoreo y posterior manejo de la plaga en campo. Nuestro trabajo se basa en el estudio de los comportamientos de la búsqueda del hospedador, alimentación y oviposición que puede contribuir a la obtención de nuevos compuestos que median interacciones intra e interespecíficas para insectos de interés agronómico, particularmente *A. grandis*, sus plantas hospedantes y microorganismos, aportando conocimiento que puede ser integrado a otras tácticas de control ambientalmente sustentables.

NUEVAS ESTRATEGIAS DE CONTROL DE PLAGAS MEDIANTE ARN INTERFERENTE (ARNi)

Salvador R.¹, L. Maskin², M. Turica², J. Niz¹, A. Pedarros¹, D. Lewi², E. Hopp³. ¹Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMyZA), Centro de investigaciones en Ciencias Agronómicas y Veterinarias (CICVyA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Genética "E. A. Favret", G.V. al IABIMO (INTA- CONICET), Centro de Investigaciones en Ciencias Agronómicas y Veterinarias (CICVyA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina; ³Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y Laboratorio de Agrobiotecnología DFBMC, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: salvador.ricardo@inta.gov.ar.

El agroecosistema algodón argentino es afectado por la acción de diferentes insectos, entre los que se destaca el coleóptero *Anthonomus grandis*, comúnmente denominado "picudo del algodón", el cual es considerado la plaga más destructiva del cultivo. La principal estrategia para disminuir la acción de este insecto se basa en el uso de insecticidas de síntesis, los cuales no logran un control efectivo del mismo. También, este coleóptero es resistente a la totalidad de endotoxinas insecticidas procedentes de la bacteria *Bacillus thuringiensis* (*Bt*), que se expresan en las diferentes variedades de algodón transgénico que se siembran en Argentina. Entre las estrategias alternativas que se han evaluado en las últimas décadas para el control de insectos, se distingue el uso de ARN interferente (ARNi) o silenciamiento génico. Con estos términos se define un mecanismo que, mediado por ARN doble cadena (ARNdc) con secuencias homólogas a un gen blanco, produce el bloqueo de la expresión del mismo. En Argentina, recientemente se obtuvieron plantas transgénicas de algodón transformadas para la expresión de ARNdc contra un gen esencial de *A. grandis*, las cuales están siendo evaluadas a campo. En paralelo, se están desarrollando nuevos eventos de algodón transgénico que sean capaces de sintetizar de forma simultánea, ARNdc diseñado contra diferentes genes de *A. grandis*, y cuya expresión sea específicamente en el botón floral de la planta, principal órgano afectado por este insecto.

GENÉTICA DE ALGODÓN: UN COMPONENTE ESTRATÉGICO PARA GENERAR INNOVACIÓN EN LA PRODUCCIÓN ALGODONERA

Tcach M. EEA Sáenz Peña – INTA, Chaco, Argentina; Genética y Mejoramiento UNCAUS, Chaco, Argentina. E-mail: tcach.mauricio@inta.gob.ar

En 1923 se fundó en Argentina un programa de investigación en el cultivo de algodón, cuyos participantes fueron: Ivan Bonacic, Alex Montenegro, Monica Spoljaric, Ariela Gonzalez, Nydia Tcach, Lorena Klein, Diego Bela, María Simonella y Daniel Ojeda. El programa se concentró principalmente en la Estación Experimental de Presidencia Roque Sáenz Peña, Chaco. Con la creación del INTA en 1956 se consolidó un proyecto de mejoramiento genético que generó, un año más tarde, la primera variedad obtenida a partir de cruzamientos, llamada SP Toba INTA. Luego de este desarrollo, fueron difundidas en Argentina 28 variedades, hasta 2018. Como resultante del progreso genético podemos destacar incrementos en la productividad, de 4 kg de fibra/ha/año desde 1956. Además, se produjeron mejoras en la longitud de fibra de 26 mm a 30 mm en las variedades actuales, y en la resistencia de la misma. Una de las características de mayor relevancia es la incorporación de resistencia genética a las principales enfermedades de incidencia económica como bacteriosis y enfermedad azul. Actualmente, el programa de mejoramiento se compone de la generación y evaluación anual de 300 líneas experimentales entre F_1 a F_{10} de las que un 10% se evalúa en otros ambientes. El proceso involucra la mejora convencional y obtención de variabilidad novedosa a partir de técnicas biotecnológicas y de muta-génesis. Se destaca como relevante en los últimos años la selección de líneas genéticas tolerantes a las imidazolinonas, característica inédita ya que no se conocen variedades comerciales con esta tolerancia en los diversos países algodoneros.

PROSPECCIÓN Y MEJORAMIENTO DE FRUTALES EXÓTICOS Y NATIVOS DE IMPORTANCIA PARA EL NORTE ARGENTINO

Coordinador: Guillermo R. Pratta Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONCIET-UNR, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: pratta@iicar-conicet.gov.ar

En el norte argentino se produce una variedad de frutales, nativos y exóticos, como chilto (*Solanum betaceum* Cav.) en el noroeste, ubajay (*Eugenia myrcianthes* Nied) en Entre Ríos, cítricos (*Citrus* spp.) en la Mesopotamia y banana (*Musa x paradisiaca* L.) en Formosa. Los dos primeros cultivos son nativos y los últimos, exóticos, pero en todos los casos el trabajo de prospección y mejoramiento convencional y asistido por biotecnologías ha permitido disponer de una variabilidad genética única en el mundo, con adaptaciones a los desafíos que implican la producción en las condiciones ambientales de Argentina. El objetivo de este simposio es actualizar los trabajos que distintos grupos del país vienen realizando, compartiendo experiencias locales y brindando la oportunidad de intercambiar experiencias durante el desarrollo del L Congreso Argentino de Genética y II Jornadas Regionales SAG-NEA.

EXPLORANDO LA DIVERSIDAD EN POBLACIONES LOCALES DE CHILTO (*Solanum betaceum* Cav.), UN FRUTAL ANDINO CON POTENCIAL VALOR PRODUCTIVO

Caruso G.B.^{1,2}, C.Y. Lamas^{1,3}, F. Yañez Yazle³, V.G. Broglio^{1,2}, E. Giamminola^{1,3}, M. Urtasun^{1,3}, M.N. Morandini^{1,2}, I. Cornejo¹, G.R. Pratta^{3,4}. ¹Banco de Germoplasma de Especies Nativas, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina; ²Consejo de Investigación, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina; CCT Salta-Jujuy CONICET, Argentina; ⁴IICAR, CONICET-UNR, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: gbcaruso67@gmail.com

El chilto o tomate de árbol, *Solanum betaceum* Cav., considerado un cultivo “subutilizado”, es un árbol frutal de los Andes subtropicales, posiblemente con origen en las yungas de Bolivia y Argentina y domesticación prehispánica. A pesar de que su cultivo se ha difundido a otros países, como Nueva Zelanda que lo produce y exporta, es necesaria la conservación *in situ*, dirigida al mantenimiento y recuperación de poblaciones viables en el entorno donde han evolucionado sus caracteres distintivos. En Argentina, algunas comunidades lo cultivan en huertas y recolectan frutos de pequeñas poblaciones silvestres. Actualmente se realizan acciones para promover su producción y consumo, aunque su expansión se vería beneficiada con la diferenciación de variedades y la mejora en la calidad de la fruta, lo que requiere contar con información de la diversidad disponible. Se caracterizaron poblaciones de Salta y Jujuy con descriptores morfológicos de fruto y semilla y se evaluó la transferibilidad de marcadores SSR de *Solanum lycopersicum* L. al chilto. Se estudiaron aspectos de la biología floral y realizaron experimentos de polinización controlada. Se encontró amplia variabilidad fenotípica dentro y entre poblaciones, especialmente en relación al tamaño y color de los frutos. Se seleccionaron marcadores SSR para estudiar la diversidad genética. Se observó la existencia de autocompatibilidad, aunque requiere de un agente polinizador. La información obtenida, además de importante para la conservación del chilto, es valiosa para la selección de materiales destinados a una colección con fines de mejoramiento.

AVANCES EN EL ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE *Hexachlamys edulis* (O. Berg) Kausel & D. Legrand (UBAJAY), UNA ESPECIE FRUTAL SUBUTILIZADA

Povilonis I.S.^{1,2}, M.E. Arena^{1,2}, S. Radice^{1,2}. ¹Laboratorio de Fisiología Vegetal, Instituto de Ciencias de la Vida, SeCyT – Rectorado, Universidad de Morón, Morón, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET, CABA, Argentina. E-mail ipovilonis@unimoron.edu.ar

El ubajay es un árbol nativo de Sudamérica destacado por su fruto comestible con valor nutracéutico. Conocer la variabilidad es el primer paso en el mejoramiento. El objetivo de este trabajo fue estimar la variabilidad fenotípica de los frutos cosechados en noviembre de 2019. Se eligieron tres poblaciones distribuidas en Entre Ríos en Concordia, El Palmar y Gualeguaychú (n=17). En el fruto se midió la actividad antioxidante, los fenoles totales, los carotenoides, las clorofilas a y b, la acidez total titulable, los sólidos solubles, la relación sólidos solubles/acidez total titulable, el peso fresco y seco, el diámetro ecuatorial y polar y el número y peso seco de semillas. Se realizó un análisis de componentes de varianza con dos factores aleatorios anidados aplicando modelos lineales generales o generalizados. Los componentes de la variabilidad se correspondieron a los niveles de interpoblación, intrapoblación e intraindividuo. Los resultados se expresan en porcentaje promedio de la variabilidad total explicada por los parámetros químicos y físicos. Para los primeros, se observó que la variabilidad interpoblacional fue de 27,7%, mientras que un 44,4% de la variabilidad correspondió al nivel intrapoblación. Por otro lado, en los físicos la variabilidad interpoblacional fue de 8,8%, mientras que un 38,5% de la variabilidad correspondió al nivel intrapoblación. A pesar de las diferencias climáticas entre los sitios de estudio, se observó mayor variabilidad fenotípica entre individuos de una misma población que entre poblaciones.

MEJORAMIENTO ASISTIDO POR ESTRATEGIAS BIOTECNOLÓGICAS PARA CONFERIR PROTECCIÓN FRENTE A ENFERMEDADES EN CÍTRICOS

Conti G.^{1,2}, M. Conte¹, F.N. Bekier¹, R. Machado⁴, A. Badaracco⁶, C.A. Reyes³, A.M. Gochez⁵, C. Lezcano⁵, R. Escobar⁵, N. Almasia¹, V. Nahirñak¹, C. Vázquez-Rovere¹, B.I. Canteros⁵, H.E. Hopp¹. ¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ³Instituto de Biotecnología y Biología Molecular, CONICET-UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ⁴Estación Experimental Agropecuaria INTA Concordia, Entre Ríos, Argentina; ⁵Laboratorio de Patología de Cítricos, EEA INTA Bella Vista, Corrientes, Argentina; ⁶Estación Experimental Agropecuaria INTA Montecarlo, Misiones, Argentina. E-mail: conti.gabriela@inta.gob.ar

Los cítricos son severamente afectados por enfermedades. Algunas de las plagas de control obligatorio en nuestro país son las bacteriosis provocadas por *Xanthomonas citri subsp. citri* (ex Hasse) Gabriel (Cancrosis) y *Xylella fastidiosa* Wells (Clorosis Variegada). Por otro lado, la enfermedad Huanglongbing causada por la bacteria *Candidatus Liberibacter spp.* (CLAs), devastadora para todos los cultivos cítricos a escala mundial, avanza de manera preocupante en varias regiones cítricas del territorio nacional. Las estrategias biotecnológicas se presentan como alternativas muy promisorias para el manejo sustentable de estas y otras enfermedades. Entre ellas, la sobreexpresión de péptidos antimicrobianos (AMPs) de origen vegetal, como Snakin-1 de *Solanum tuberosum* L., cuyos efectos antimicrobianos han sido demostrados en otras especies, fue utilizado para desarrollar portainjertos Troyer citrange transgénicos. Actualmente se están desarrollando ensayos de desafíos frente a CLAs en las líneas transgénicas obtenidas y ya se demostró que algunas de ellas presentan tolerancia frente a *X. citri subsp. citri*. A su vez se están empleando otras estrategias enfocadas en el uso de AMPs propios de cítricos en combinación con promotores y proteínas que favorecen su acumulación en el floema para conferir protección mediante estrategias de intragénesis. Las técnicas de edición génica permitirán además modificar potenciales genes de susceptibilidad. El desarrollo de organismos transgénicos, intragénicos y/o editados, ofrecerá potenciales alternativas de origen nacional para el manejo del HLB y otras bacteriosis de cítricos.

RECURSOS GENÉTICOS DE BANANA (*Musa spp.*) EN ARGENTINA, SU VARIABILIDAD Y USO EN MEJORAMIENTO PARA EL CULTIVO EN CONDICIONES SUBTROPICALES

Tenaglia G.C¹, G.R Pratta². ¹Área de Investigación Para la Agricultura Familiar en el NEA (AIPAF-NEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Santa Fe, Argentina. Email: tenaglia.gerardo@inta.gob.ar

La región subtropical húmeda de la provincia de Formosa, en el Nordeste Argentino (Lat. -25,2024130; Long. -58,1212980), presenta una zona de condiciones climáticas para el cultivo de banana (*Musa spp.*). Los materiales de este cultivo son una mezcla de clones indiferenciados del subgrupo Cavendish. En la selección de material genético adaptado, el primer enfoque fue el análisis sobre las condiciones agroclimáticas en las cuales deberá desarrollarse el material, en producción hacia el 2025–2030. El segundo enfoque fue determinar el grado de polimorfismo fenotípico y molecular existente entre los clones cultivados por Agricultores Familiares. En 2012 se marcaron, en la región subtropical norte de Formosa, 684 clones que mostraron estabilidad de rendimiento. Los criterios de selección fueron resiliencia, ciclo, rendimiento y forma de las manos. Un total de 140 clones seleccionados se implantaron en diseño estadístico aumentado. Con cuatro ciclos de producción, 36 variables (fenológicas, comportamiento a campo y productivas) registradas, marcadores moleculares y datos climáticos se construyó un índice de selección, del cual se desprenden tres Variedades Sintéticas, cada una de ellas conformadas por cuatro Líneas Avanzadas Inta (LAI). En las tres variedades se ha tenido especial atención a las características comerciales, algo esencial para llegar a los mercados. La selección de materiales con características distintas es muy importante en un ambiente variable, las variedades sintéticas nos parecen adecuadas para este tipo de situación, otorgándole mayor resiliencia.

ESTUDIOS DE GENOTOXICIDAD EN ARGENTINA UTILIZANDO MODELOS ANIMALES NO HUMANOS

Coordinadoras: Nancy B. Andrioli y Mariela Nieves. Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), DEGE-FCEyN-UBA, Buenos Aires, Argentina; Centro de Investigaciones en Reproducción Humana y Experimental (CIRHE)-CEMIC, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mariela.nieves5@gmail.com; nancyandrioli@gmail.com

Las interacciones de agentes exógenos con el genoma de los organismos pueden afectar su integridad y estabilidad en términos estructurales y funcionales. En este sentido, el conocimiento de los genomas, es un aspecto que permite explicar las respuestas a la exposición a agentes de interés terapéutico o ambiental, recurriendo a abordajes mecánicos por medio de distintos biomarcadores de efecto. La complejidad y diversidad en la organización espacial y dinámica de la cromatina en distintas especies, confiere a los genomas diferente grado de estabilidad y por lo tanto susceptibilidad frente a la injuria. Las metodologías aplicadas para evaluar el potencial genotóxico de agentes químicos se basan en el diseño de baterías de ensayos en modelos biológicos tan diversos como bacterias, plantas, invertebrados y vertebrados. Por lo tanto, los estudios genotoxicológicos comparativos entre diferentes grupos zoológicos, pueden constituir un aporte fundamental al proponer diseños experimentales específicos, basados en el uso de biomarcadores citogenéticos y moleculares que den cuenta de los cambios estructurales y funcionales de cada genoma comprendiendo la influencia del contexto propio de la especie. La presencia de plaguicidas en el ambiente reviste cada vez mayor preocupación por el impacto que estos pueden tener en los ecosistemas, con repercusiones en la salud a corto y largo plazo, de las poblaciones animales que los habitan e incluso de las personas. Es por esto, que los conocimientos mencionados contribuyen tanto a poner en valor modelos biológicos que permitan la evaluación de agentes de interés y profundizar en los estudios de dinámica genómica y funcionalidad de diferentes grupos zoológicos.

LOS PRIMATES NO HUMANOS COMO MODELO DE ESTUDIO EN LA RESPUESTA DEL GENOMA POR EXPOSICIÓN A AGROQUÍMICOS

Nieves M.¹, E.O. Ferreras¹, C. Páez^{1,2,3}, A. Laudicina⁴, C. Plez Ragusa^{5,6}, A.G. Cardozo⁵, T. Manzur¹, A.D. Bolzán^{5,6}, N.B. Andrioli³. ¹Centro de Investigaciones en Reproducción Humana y Experimental (CIRHE)-CEMIC, CONICET, C.A.B.A., Buenos Aires, Argentina; ²Universidad Nacional de San Martín, Campus Miguelete, San Martín, Buenos Aires, Argentina; ³Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), FCEyNUBA, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires - Consejo de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad de Buenos Aires (IEGEB-CONICET), Ciudad Universitaria, Buenos Aires, Argentina; ⁴Lexel SRL, C.A.B.A., Buenos Aires, Argentina; ⁵Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CONICET-UNLP-CICPBA, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ⁶Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mariela.nieves5@gmail.com

El conocimiento de la estructura y dinámica de los genomas, permite estudiar su respuesta frente a la exposición a xenobióticos de interés terapéutico o ambiental, obteniendo información sobre el riesgo de su exposición. Los linfocitos de sangre periférica (LSP) provenientes de primates no humanos, utilizados como sistema *in vitro*, permiten evaluar la inestabilidad genómica inducida por agroquímicos. Estudiamos la respuesta de los genomas de *Sapajus* (Kerr, 1792) spp. (Platyrrhini, Cebidae) y *Macaca fascicularis* (Raffles, 1821) (Catarrhini, Cercopithecoidea) ante la exposición a Tiabendazol (TBZ) y Zineb (ZNB), fungicidas de conocida acción genotóxica, a partir de cultivos de LSP de cuatro individuos de cada especie provenientes del bioterio del CIRHE-CEMIC. Se analizaron biomarcadores de inestabilidad cromosómica, se utilizó FISH con sondas centroméricas (especie-específicas) y panteloméricas (vertebrados) y se estudiaron los cambios en los patrones basales, producidos como respuesta a la exposición. Los resultados obtenidos hasta el momento, indican que ambas especies responden a la exposición a TBZ, con inducción de aberraciones teloméricas, puntualmente duplicaciones y pérdidas de señales. Además, en baja frecuencia, se observaron fragmentos acéntricos y cromosomas incompletos, no observados en los controles negativos. A partir de la caracterización de las respuestas observadas, será posible inferir mecanismos asociados las particularidades de cada genoma que afectan su estabilidad y por lo tanto su potencial como modelo.

LA BATALLA DE LOS YACARÉS: UNA ESPECIE MODELO PARA EVALUACIÓN DE CONTAMINACIÓN AMBIENTAL POR PLAGUICIDAS A TRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES

Odetti L.M.^{1,2}, B. Stringhini¹, C.M. Colman Laróvere¹, M.F. Simoniello¹, G.L. Poletta^{1,2,3}. ¹Cátedra de Toxicología, Farmacología y Bioquímica Legal, FBCB-UNL, Ciudad Universitaria, Santa Fe, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina; ³Proyecto Yacaré (MAyCC, Gob. de Santa Fe), Santa Fe, Argentina. E-mail: luodetti@hotmail.com

En Argentina, las poblaciones naturales de caimanes se ven afectadas por la pérdida de hábitat producto de la expansión agrícola, que trajo aparejado un aumento exponencial en el uso de plaguicidas. En este contexto se ha demostrado que los plaguicidas inducen genotoxicidad, daño oxidativo y alteraciones enzimáticas en *Caiman latirostris* (Daudin, 1802). Desde hace algunos años, las alteraciones en los patrones de expresión génica ofrecen nuevas perspectivas sobre el papel de los genes en el contexto de toxicidad. Estos cambios son inmediatos y generalmente más sensibles que los puntos finales utilizados tradicionalmente en toxicología. En este sentido, pudimos determinar en diferentes tejidos de yacaré overo la expresión de genes que codifican proteínas intervinientes en sistemas de defensa antioxidante (*cat* y *sod*), que controlan el ciclo celular (*p53*, *Parp-1*, *bax* y *bcl2*) y de biotransformación (*p450* y *gst*), con el fin de proponerlos como biomarcadores de exposición a xenobióticos. En estudios de exposición de embriones y neonatos a formulaciones de glifosato, cipermetrina y clorpirifos, por separado y en mezcla simulando condiciones similares a las que ocurren en los ambientes naturales, se comprobó la alteración en la expresión de genes de la vía antioxidante. La identificación de marcadores sensibles de exposición a nivel molecular aporta nuevos conocimientos sobre los mecanismos de toxicidad, necesarios para alcanzar una visión holística de sus consecuencias ecotoxicológicas en las especies autóctonas.

ANTIPARASITARIOS USADOS EN LA PRODUCCIÓN DE CARNE VACUNA: GENOTOXICIDAD EN BOVINOS Y EL RIESGO PARA LA SALUD PÚBLICA

Ferré D.M.^{1,2}, Carracedo R.T.², Heredia R.², Ludueña H.R.², Gorla BNM.^{1,2}. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ²Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción, Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza, Argentina. E-mail: danielamarisolverre@gmail.com

Las parasitosis internas y externas generan gastos en el manejo sanitario y pérdidas productivas en ganadería. En Mendoza, hemos relevado que los antiparasitarios usados en los bovinos para carne son, en orden decreciente de uso: ivermectina, cipermetrina (CIP), CIP combinado con clorpirifos (CPF), albendazol, prazicantel, alfa-cipermetrina y doramectina. Los residuos de antiparasitarios en los alimentos de la población afectan la inocuidad del producto, y por ello es recomendable conocer su potencial de toxicidad. Hemos evaluado el potencial genotóxico de CIP + CPF mediante el ensayo de micronúcleos con bloqueo de la citocinesis (CBMN) *ex vivo* en bovinos tratados con una dosis terapéutica. El ensayo también lo realizamos *in vitro* en linfocitos bovinos expuestos a cinco concentraciones de CIP, CPF y CIP+CPF. No hubo diferencias significativas entre las frecuencias de células con micronúcleos (Mn) antes y 24 h después del tratamiento. Observamos células con núcleos de morfología irregular, y presentación simultánea de brotes nucleares y Mn. En el estudio *in vitro* detectamos, en función del aumento de las concentraciones, una disminución del índice de proliferación celular, un aumento de Mn y de células con brotes. La dieta es la principal vía de exposición a los antiparasitarios usados en bovinos, y existe falta de información respecto al potencial daño que pueden generar al material genético. Residuos de CIP y CPF pueden estar presentes no solo en la carne sino también en frutas y verduras de producción local, debido a que son también usados como plaguicidas agrícolas.

GENOTOXICIDAD EN CANINOS Y MEDICINA TRASLACIONAL: UN APORTE PROTAGÓNICO DE NUESTRAS MASCOTAS

Caliri M.N.^{1,2}, Gómez M.², Ferré D.M.^{1,2}, Gorla N.B.M.^{1,2}. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ²Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción, Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza, Argentina. E-mail: martinacaliri23@gmail.com

Los antiparasitarios externos, ampliamente utilizados en caninos para el control de insectos y ácaros, se presentan en una gran variedad de formulaciones: pipetas, champús, talcos, aerosoles. Uno de los más aplicados en mascotas y ambientes es la cipermetrina (CIP). Este piretroide tipo II es moderadamente peligroso (WHO) y posible carcinógeno para los humanos (EPA). Existen reportes de caninos con toxicidad aguda a CIP y evaluaciones de genotoxicidad en ratones, peces y linfocitos humanos. Dado su extenso uso en caninos, el objetivo fue evaluar el potencial efecto de CIP en cromosomas de linfocitos caninos con tres concentraciones no citotóxicas. Se obtuvo una fotogalería de alteraciones cromosómicas (AC) en caninos, inexistente en la bibliografía. La cantidad de AC aumentó en promedio de 3 a 14 veces en los cultivos con CIP, principalmente se observó rotura de cromátida y asociación telomérica, en curva concentración- respuesta no monotónica. Los caninos ocupan un lugar central en los hogares, con una interacción estrecha con las personas, expuestos también a muchos de los mismos factores de riesgo del ambiente, como son los piretroides, sospechosos de efectos moleculares, celulares y fisiológicos. Viven menos años que las personas por lo que pueden desarrollar más precozmente enfermedades comunes a ambas especies. En medicina traslacional, el canino surge como modelo animal con numerosas ventajas en relación a los tradicionales roedores: una mayor homología genética con el humano, gran similitud en los mecanismos fisiopatológicos y presentación clínica de enfermedades.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ARROZ

Coordinador: José Colazo. INTA, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. E-mail: colazo.jose@inta.gob.ar

El arroz es el principal cereal destinado a la alimentación humana. En Argentina, la provincia de Corrientes es la principal productora de este cultivo. Durante la campaña 2020-2021, se sembraron 91500 hectáreas que aportaron el 50% de la producción a nivel nacional. En comparación con otros *commodities*, es el cultivo que más puestos de trabajo genera por hectárea producida. El aporte social y económico no solo se genera a nivel primario, sino que se traslada a la puesta de valor agregado a través de la industrialización de su grano y la captación de divisas con la exportación. En la Argentina, el mejoramiento genético de este cultivo está orientado a generar variedades de alta productividad y calidad de grano. Las capacidades técnicas y operativas en mejoramiento genético están implantadas en el sector público y privado, con fuerte articulación entre ambas. Los cultivares generados a nivel nacional, no sólo son de amplia adopción en nuestro territorio, sino que están presentes dentro de los cultivares más utilizados en Latinoamérica

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ARROZ EN INTA

Colazo J.L. Grupo de Mejoramiento Genético de Arroz, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. E-mail: colazo.jose@inta.gob.ar

La exigencia actual de los programas de mejoramiento genético es la de sostener los altos rendimientos y calidad de grano de las variedades actuales con el desafío de disminuir la huella ambiental generada por el cultivo. A esto se suma la necesidad de variedades resilientes a una creciente inestabilidad ambiental provocada por una mayor frecuencia de situaciones extremas de estrés biótico y abiótico. Las líneas de investigación del programa están enfocadas en potenciar la selección de alelos favorables mediante la optimización de metodologías sencillas de fenotipificado y genotipificado de los criaderos. En lo productivo, la aparición de malezas resistentes a herbicidas amenaza el aumento de rendimiento logrado en la última década con la tecnología *clearfield* en arroz. Se cuenta con dos nuevas fuentes de resistencia a herbicida no transgénicas (PROVISIA® y SUR 15 INTA) para el desarrollo de cultivares con diferentes modos de acción que facilite el uso de rotaciones y evite la selección de malezas. La diversificación de la producción con nuevas variedades de arroces especiales (doble carolina, aromáticos, arbórios, corto japonés) adaptadas a nuestros ambientes productivos permitirá acceder a nichos de mercados de alto valor. La genética de INTA no sólo ha tenido un impacto profundo en nuestro país; actualmente está presente en el 80% del área de Rio Grande Do Sul, Brasil, Uruguay, Paraguay, Costa Rica, Rep. Dominicana, Panamá, Nicaragua, Italia, Estados Unidos y Colombia.

TREINTA AÑOS DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ARROZ EN LA ARGENTINA

Livore A.B. INTA, Argentina. E-mail: alivore@yahoo.com.ar

“Veinte años no es nada”, dice A. Lepera en el tango Volver, sin embargo 30 años de trabajo en mejoramiento genético de una especie vegetal anual es un período lo suficientemente importante para obtener logros de alto impacto. Esta presentación es una narrativa de los acontecimientos, los protagonistas y los resultados de una historia que se inicia con los ideales de los años sesenta/setenta y se desarrolla hasta la actualidad. El arroz en Argentina, a diferencia del resto del mundo, es un cultivo de importancia económica sólo regional. Afortunadamente el arroz, es el cereal modelo para los estudios genéticos y por lo tanto los progresos en el conocimiento en todo el mundo,

han sido una ventaja para los programas de mejoramiento en general. Paralelamente esas mismas ventajas establecieron un mayor nivel de competencia con los programas de los países productores de arroz. Debimos competir con los programas de países donde el arroz tiene una importancia estratégica y donde la investigación recibe un apoyo significativo. Argentina exporta el 70% de su producción, razón por la cual es imperioso atender la demanda de los consumidores externos. Asimismo, nuestra participación en el mercado externo no tiene impacto por volumen. Ese escenario nos condujo a extremar nuestros esfuerzos y priorizar nuestros recursos para obtener variedades que se distinguieran por su calidad industrial y culinaria. Ese atributo y la resistencia NO transgénica a herbicidas imidazolinonas (IMI), nos colocó como el programa líder de la región y logró que nuestra tecnología fuese adoptada en toda América y Europa.

PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO EN CULTIVOS DE ARROZ ADECOAGRO

Ruiz Diaz M.J. Semillero Itá Caabó –Adecoagro, Mercedes, Corrientes, Argentina. E-mail: mruizdiaz@adecoagro.com

Antiguamente, la producción de arroz se cultivaba en zonas tropicales de Asia, pero con el transcurso del tiempo se fue adaptando a diferentes regiones y distintos continentes. América se posiciona en el segundo puesto entre los principales continentes productores de arroz a nivel mundial, con una participación estimada del 5% de la producción global. Argentina, cuenta con variedades de alto rendimiento, que poseen una calidad culinaria superior, además de ser resistentes a plagas y enfermedades, por lo que nos posiciona en un lugar de privilegio como exportador en el mercado internacional. Dentro de los principales factores que definen la rentabilidad de la empresa, está el aumento en rendimiento por unidad de área, con la consiguiente reducción de costos por tonelada producida, y la calidad industrial del producto cosechado. Con el objetivo de colaborar en el resultado, debemos aportar materiales que posean el mayor potencial de rendimiento con los mismos recursos o bien mayor respuesta a insumos que haga eficiente el uso de los mismos; esto se logra en gran parte mediante la implementación de un programa de Mejoramiento Genético. Nos centramos en desarrollar nuevas variedades e híbridos, desarrollar y validar nuevas tecnologías dentro del contexto logístico de un programa de mejoramiento aplicado. Esto incluye investigación sobre selección asistida por marcadores, selección genómica, metodologías de fenotipificado y sistemas de gestión de datos, cruzamientos y retro cruzamientos asistidos, como también cultivo de anteras.

DETRÁS DEL ORIGEN DEL ARROZ MALEZA EN ARGENTINA

Presotto A.¹, F. Hernández¹, R.B. Vercellino¹, D. Kruger², L. Fontana², S. Ureta¹, J. Barnett³, X. Li³, M. Crepy⁴, G. Auge⁵, A. Caicedo³. ¹CERZOS-CONICET, Departamento Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ²EEA INTA Corrientes, Corrientes, Argentina; ³Department of Biology, University of Massachusetts Amherst, Amherst, USA; ⁴EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina; ⁵Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, CONICET-iB3, Universidad Nacional de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: apresotto@uns.edu.ar

El arroz maleza (AM) es una problemática común en la mayoría de las regiones arroceras del mundo y su origen se relaciona principalmente con eventos de de-domesticación de cultivares de arroz. En Argentina, el AM es una de las principales limitantes del cultivo de arroz, aunque se desconoce el origen de estos biotipos. El objetivo de este trabajo fue estudiar la estructura genética e inferir el origen de los biotipos de AM argentinos. Mediante genotipificado por secuenciación se analizaron 64 individuos de arroz, 59 biotipos de AM (provenientes de Corrientes, Entre Ríos, Santa Fe, Chaco y Formosa) y cinco variedades cultivadas en Argentina. Las secuencias fueron comparadas con la base de datos disponible de AM y cultivo (accesiones de Estados Unidos, Colombia, España, y Asia), de la UMass Amherst. Cuando se compararon con las malezas, cultivares y silvestres de otras

partes del mundo, el AM argentino se agrupó con cultivares y malezas de los grupos *aus*, *indica* e híbridos entre ambos grupos. Los cultivares argentinos pertenecieron a los tres grandes grupos: *indica*, *aus* y *japonica*. Los análisis realizados (e.g. PCA, F_{ST} , árbol filogenético) permitieron asociar a la mayoría de los AM argentinos junto a los cultivares argentinos. Estos resultados indicarían que gran parte de los biotipos AM argentinos evolucionaron a partir de variedades cultivadas en nuestro país.

REPARACIÓN DEL ADN Y ENFERMEDAD

Coordinadora: Dra. María Fernanda Alu. Hospital de Pediatría Garrahan. fefe.alu@gmail.com

El ADN es la única molécula en la célula que no se recambia, de manera que ante cualquier lesión, debe repararse para conservar la integridad genómica y funcional de la célula. Dentro de las lesiones más dañinas que afectan al ADN, se encuentran los enlaces covalentes cruzados, que son reconocidos, eliminados y reparados por 22 genes de la vía FA/BRCA mediante recombinación homóloga (RH). Cuando la vía FA/BRCA falla, la reparación se realiza mediante vías alternas propensas a error, como la unión de extremos no homólogos, esto causa daño genómico y enfermedad. Un cigoto con variantes patogénicas bialélicas en genes pertenecientes a la vía FA/BRCA, será un paciente con anemia de Fanconi, mientras que si ocurren en células somáticas podrían causar cáncer.

PRINCIPALES VÍAS DE REPARACIÓN DEL ADN. RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA Y NO HOMÓLOGA

Frías S.^{1,2}, B. García de Teresa², M. Fiesco-Roa^{2,3}, B. Molina², S. Sánchez², L. Torres², U. Juárez-Figueroa², A. Rodríguez.^{1,2}
¹Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México; ²Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México; ³Posgrado en Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México. E-mail: sarafrias@iibiomedicas.unam.mx

La anemia de Fanconi (AF) es un síndrome de inestabilidad cromosómica, con una prevalencia de 1-9/millón de personas. Se origina por la falla de uno de los 22 genes (*FANCA-W*) que conforman la vía FA/BRCA, encargada de la reparación de enlaces covalentes que entrecruzan las dos hebras del ADN (ECC). En fase S, un ECC se reconoce por FANCM, que activa los sensores de daño y recluta el complejo central compuesto por 8 AF, encargado de ubiquitinar, al heterodímero FANCD2-I. Esta es la señal para reclutar a las 11 proteínas AF efectoras de la reparación por recombinación homóloga (RH). RH es un mecanismo libre de error que corta el ECC, genera una rotura de doble hebra y el segmento de ADN con lesión lo reemplaza por una copia del ADN correcto que se encuentra en la cromátida hermana. Cuando la vía FA/BRCA no es funcional, las roturas se canalizan a una vía de reparación propensa a error que une los dos extremos con un mínimo (o en ausencia) de homología, llamada unión de extremos no homólogos en donde intervienen las proteínas Ku70/80 y ligasa IV, entre otras. La consecuencia de la falla de la vía FA/BRCA es la generación de aberraciones cromosómicas estructurales como figuras radiales, translocaciones y dicéntricos y roturas cromatídicas, isocromatídicas y fragmentos cromosómicos. Esta inestabilidad cromosómica es una característica celular constante en los pacientes AF, que permite realizar el diagnóstico citogenético independientemente del gen afectado.

CONSECUENCIAS CELULARES DE LA ALTERACIÓN DE LA VÍA DE REPARACIÓN POR RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA

Rodríguez A.^{1,2}, B. García de Teresa¹, C. Ayala-Zambrano^{1,2,3}, M. Velázquez⁴, U. Juárez-Figueroa¹, M. Fiesco-Roa¹, S. Frías^{1,2}. ¹Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México; ²Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México; ³Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM, México; ⁴Department of Radiation Oncology, Dana Farber Cancer Institute, Boston, USA. E-mail: alfredo.rodriguez@iibiomedicas.unam.mx

La recombinación homóloga (RH) repara las rupturas de doble hebra (RDH) en el ADN y colabora con la vía FA/BRCA para reparar enlaces covalentes cruzados (ECC). Las deficiencias congénitas en esta vía producen Anemia de Fanconi (AF), un síndrome hereditario de falla medular con predisposición a cáncer. Las células AF toman decisiones celulares entre la apoptosis o la sobrevivencia celular (a pesar del daño genómico). Exceso de apoptosis produce atrofia tisular, mientras que la sobrevivencia de células con ADN dañado promueve la aparición de clonas malignas. En este trabajo investigamos a múltiples niveles los mecanismos moleculares involucrados en la toma de decisión en células AF; para ello utilizamos la secuenciación unicelular de ARN (scRNAseq) de células CD34+ de pacientes con AF y un modelo de ratón AF para estudiar la hematopoyesis adulta y el desarrollo embrionario. El scRNAseq en células CD34+ mostró co-sobreexpresión del proto-oncogén *MYC* (el cual promueve la proliferación celular a expensas del daño) y del gen supresor de tumores *TP53* (el cual promueve la apoptosis). La secuenciación de ARN de embriones de ratón AF mostró sobreexpresión de los genes *Myc* y *Trp53* durante el desarrollo embrionario; y el estudio de la hematopoyesis adulta en ratón mostró que los estímulos pro-inflamatorios activan la expresión del oncogén *MYC*. Nuestros resultados muestran que las células AF, deficientes en la reparación del ADN, son dependientes de la proteína *MYC* para activar la proliferación, lo cual contrarresta los efectos anti-proliferativos de p53.

FENOTIPO FÍSICO Y HEMATOLÓGICO COMO RESULTADO DE LA INESTABILIDAD GENÓMICA EN ANEMIA DE FANCONI

García de Teresa B.¹, M. Fiesco-Roa^{1,2}, S. Frías^{1,3}, A. Rodríguez^{1,3}, A. Monsivais¹, M. Ortiz⁴, MM. Saez de Ocariz¹, A. Venegas¹. ¹Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México; ²Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México; ³Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México; ⁴Nuevo Hospital Civil de Guadalajara Dr. Juan I. Menchaca, Guadalajara, Jalisco, México. E-mail: b.garciadeteresa@gmail.com

La vía FA/BRCA es una vía de reparación del ADN que corrige los enlaces covalentes cruzados, que son lesiones nocivas para las células, pues unen covalentemente las hebras del ADN. La disfunción de la vía FA/BRCA resulta en un fenotipo celular característico que consiste en inestabilidad genómica, arresto celular en la fase G2 del ciclo celular y un fenotipo proapoptótico. A nivel de organismo, esto se traduce en un fenotipo clínico conocido como Anemia de Fanconi (AF) caracterizado por defectos del desarrollo físico, alteraciones hematológicas y un riesgo incrementado de desarrollar neoplasias. A partir de la revisión de la bibliografía y del análisis de las manifestaciones clínicas de 30 pacientes incluidos en el registro de AF de México, se describen las manifestaciones clínicas que resultan de una vía FA/BRCA alterada. La falla medular es la manifestación más frecuente en los pacientes con AF, seguida de alteraciones del desarrollo físico. Manifestaciones detectables por inspección como pigmentación de la piel anormal o una talla o perímetro cefálico bajos fueron las más frecuentes, más aún que la dupla conformada por malformaciones renales y del eje radial, que se consideran una “señal AF”. El cuadro clínico de los pacientes con AF es reflejo de la inestabilidad genómica subyacente; el exceso de apoptosis resulta en hipoplasia de tejidos con altos índices mitóticos como las poblaciones celulares embrionarias de las que dependerán la masa inicial del individuo o de tejidos como las células troncales hematopoyéticas o estructuras anatómicas específicas como el eje radial.

CÁNCER Y ANEMIA DE FANCONI: UNA CONSECUENCIA DEL MAL FUNCIONAMIENTO DE LA VÍA FA/BRCA

Fiesco-Roa M.O.^{1,2,3}, B. García de Teresa³, S. Frías^{3,4}, A. Rodríguez^{3,4}, M. Ortiz⁵. ¹Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México; ²Maestría y Doctorado en Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México; ³Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México; ⁴Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), México; ⁵Nuevo Hospital Civil de Guadalajara "Juan I. Menchaca", Guadalajara, Jalisco, México. E-mail: fiescoroa@facmed.unam.mx

La Anemia de Fanconi (AF) es un síndrome de inestabilidad cromosómica con una elevada predisposición a cáncer. El fenotipo oncológico es resultado de alteraciones en la vía FA/BRCA, la cual está encargada de la reparación libre de error de enlaces covalentes cruzados en el ADN. Alrededor del 20% de los pacientes con AF desarrollan alguna neoplasia a lo largo de su vida. A través de un análisis observacional, ambispectivo y transversal, se describió el fenotipo oncológico de los pacientes con AF descritos en la literatura hasta diciembre de 2022 y de los pacientes del Registro de AF de México. Se colectó información de 615 casos de pacientes con AF con genotipo confirmado (600 casos reportados en la literatura y 15 pacientes del Registro de AF de México). Las neoplasias más frecuentes fueron tumores sólidos (122 pacientes), leucemia mieloide aguda (68 pacientes) y síndrome mielodisplásico (31 pacientes). Estos hallazgos contrastan con la literatura en la que se reporta que la leucemia mieloide aguda representa el 40% de los casos de cáncer en AF. Los resultados pueden evidenciar un sesgo de reporte por sobre-representación de pacientes con variantes patogénicas (VP) en *FANCD1/BRCA2* y *FANCN/PALB2*. Sin embargo, está documentado que los pacientes con VP en estos genes tienen un riesgo aún más elevado de cáncer que otros genotipos; esto se debe a que sus productos están directamente involucrados en el proceso de recombinación homóloga.

HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA ASISTIR AL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL

Coordinadora: María Francisca Perera. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT NOA Sur, Las Talitas, Tucumán, Argentina. E-mail: franciscaperera@yahoo.com.ar

HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA ASISTIR AL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL

Perera M.F. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT NOA Sur, Las Talitas, Tucumán, Argentina. E-mail: franciscaperera@yahoo.com.ar

Los programas de mejoramiento genético de cultivos buscan obtener variedades de mayor productividad con características agronómicas sobresalientes. Por lo general, cada ciclo de mejora incluye la selección de progenitores a partir de una colección de germoplasma, la hibridación y la evaluación fenotípica de la progenie en sucesivas etapas de selección. Por ello, resulta necesaria la implementación de herramientas moleculares que permitan mejorar la caracterización e incrementar la eficiencia en la selección. En este sentido, los marcadores moleculares resultan esenciales para asistir a la mejora clásica ya que pueden ser aplicados en múltiples etapas del esquema, para acelerarlas o bien para tener una mayor certidumbre en los procesos que rigen en determinadas fases. Entre sus múltiples aplicaciones, los marcadores moleculares pueden ser utilizados en estudios de diversidad genética, en identificación del origen parental, en el análisis del grado de hibridez obtenido en los cruzamientos y en identificación y protección de nuevas variedades. Además, mediante estrategias de mapeo biparental y asociativo es posible detectar marcadores asociados a caracteres de interés agronómico que puedan utilizarse en selección asistida por marcadores. Entre las aplicaciones más recientes, merece destacarse a la selección genómica, en la que todos los marcadores moleculares generados a lo largo del genoma son utilizados en forma simultánea para predecir el valor de mejora de los individuos.

IMPLEMENTACIÓN DE HERRAMIENTAS BIOTECNOLÓGICAS EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA CAÑA DE AZÚCAR

Racedo J., S. Chaves, F. Budeguer, R.A. Enrique, A.S. Noguera, M.F. Perera, S. Ostengo. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT CONICET NOA sur, Tucumán, Argentina. E-mail: joracedo@gmail.com

El mejoramiento genético de la caña de azúcar es un proceso laborioso y lento, que toma entre 10 y 15 años de intensas evaluaciones para la obtención de un nuevo cultivar. Diversas herramientas biotecnológicas aplicadas en determinadas etapas del esquema de mejora pueden hacer más eficiente el proceso global, aportando información más precisa a los mejoradores. Además, la transformación genética y la edición génica permiten incorporar nuevas características de interés a los nuevos cultivares desarrollados. El programa de mejoramiento genético de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres ha incorporado exitosamente la utilización de marcadores moleculares para determinar la diversidad genética de su banco de germoplasma, para la identificación de marcadores ligados a características de rendimiento y de resistencia a enfermedades, para la certificación de

pureza genética, y para el diagnóstico molecular de enfermedades. Asimismo, se realizó la transformación genética de variedades comerciales locales para conferir resistencia a estrés biótico mediante biobalística, y actualmente se desarrollan nuevas líneas mediante edición génica. El desarrollo y la incorporación de “nuevas tecnologías de mejoramiento” en un esquema de mejora tradicional es un gran desafío y en este caso han sido implementadas de manera efectiva para el mejoramiento de caña de azúcar.

UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES PARA EL DESARROLLO DE NUEVAS VARIEDADES DE SOJA

Rocha C.M.L., G. Garcia, M.R. Devani, A.P. Castagnaro, E.M. Pardo. Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, ITANOA (EEAOC-CONICET), Las Talitas, Tucumán, Argentina. E-mail: marianopardo@eeaoc.org.ar

La producción de soja en el Noroeste Argentino (NOA) enfrenta factores climáticos adversos enfermedades y plagas. El Programa de Mejoramiento Genético de la Soja (PMGS) de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres desarrolla nuevas variedades de soja adaptadas al NOA de pureza genética garantizada, mayor rendimiento y resistencia a factores bióticos y abióticos. Este proceso dura entre siete y ocho años y está basado en principios genéticos clásicos de selección fenotípica. Sin embargo, puede acelerarse con la implementación de una técnica llamada Selección Asistida por Marcadores Moleculares (SAM). Nuestro objetivo es implementar la SAM en el PMGS de manera rutinaria, en distintas etapas del programa, para hacer más eficiente el desarrollo de nuevas variedades. Dos tipos de marcadores moleculares (MM) se utilizan con este propósito: microsátélites (SSR) y polimorfismos de un nucleótido (SNPs). El desarrollo de una nueva variedad comienza con la selección de parentales, a partir un banco de germoplasma (BG) propio con gran variabilidad genética, para cruzarlos artificialmente. Los híbridos efectivos se avanzan generacionalmente hasta lograr la homocigosis y, posteriormente, las líneas promisorias se evalúan por rendimiento y comportamiento fitosanitario hasta que finalmente se inscriben como nuevas variedades. Todas estas etapas se evalúan con SSR y SNPs garantizando la diversidad genética, la obtención efectiva de híbridos, la incorporación o introgresión de genes de interés asociados con MM y la pureza genética de las líneas que se inscribirán.

APLICACIÓN DE MODELOS DE SELECCIÓN GENÓMICA EN LOS CULTIVOS DE CAÑA DE AZÚCAR Y MAÍZ

Rossi E.A.^{1,2}, M. Ruiz^{1,2}, N.C. Bonamico^{1,2}, M. Aybar Guched³, A.N. Peña Malavera³, M.F. Perera³, A.S. Noguera³, J. Racado³, S. Ostengo³, M.G. Balzarini^{4,5}. ¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Córdoba, Argentina; ²Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ³Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Tucumán, Argentina; ⁴Estadística y Biometría, Facultad de Cs. Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁵Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET-INTA), Córdoba, Argentina. E-mail: erossi@ayv.unrc.edu.ar

La selección genómica (SG) es una herramienta con potencialidad de incorporar información genómica en decisiones de mejora genética. Con la SG se determina el potencial genético (*Genomic Estimated Breeding Value*, GEBV) de un individuo adicionando los efectos de todos los marcadores en un modelo estadístico. Debido a la alta dimensionalidad de la información molecular en la construcción del modelo de SG, se usan distintas estrategias para abordar la multidimensionalidad y la multicolinealidad entre marcadores. Una de estas estrategias consiste

en realizar previamente una selección de los marcadores moleculares a incluir en el modelo. Con el objetivo de evaluar el impacto de la selección de marcadores en la precisión de modelos de selección genómica se utilizaron datos del rendimiento de azúcar y otros caracteres del programa de mejoramiento genético de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres para el cultivo de caña de azúcar y de líneas de maíz evaluadas por su resistencia a la enfermedad Mal de Río Cuarto en el Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC). La selección de marcadores se realizó mediante estudios de mapeos por asociación. Luego, se compararon diferentes modelos de selección genómica utilizando, por un lado, todos los marcadores disponibles y por otro, solo los marcadores seleccionados mediante los estudios de mapeo por asociación. Si bien la eficiencia de la SG depende principalmente del carácter en estudio, la selección de marcadores permitió aumentar la precisión de la SG para algunos de los caracteres evaluados.

EL DESAFÍO DE INVOLUCRARNOS EN ASPECTOS ÉTICOS DE LA GENÉTICA

Coordinadora: Graciela Moya. Laboratorio GENOS, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Bioética, Facultad de Ciencias Médicas, Pontificia Universidad Católica Argentina, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Bioética, Universidad Católica Santo Toribio de Mogrovejo USAT, Perú. E-mail: gracielamoya@uca.edu.ar; moya@genos.com.ar

La bioética es una filosofía aplicada al estudio de las dimensiones morales de las ciencias de la vida y de la atención de la salud. Es una ciencia transdisciplinaria porque investiga estas dimensiones morales en forma sistemática con un método argumental que incluye variadas disciplinas como la filosofía, las ciencias de salud y de la vida, el derecho, la psicología, la sociología, la teología, la ecología, entre otras. Esta metodología de análisis queda claramente plasmada en el simposio de hoy, en el que intentaremos reconocer cómo nos desafían los avances biotecnológicos en el campo de la genética. Comenzando con el análisis del uso compartido de datos genómicos y sus implicancias éticas, legales, sociales; luego se considerará el impacto de la genómica en la elaboración de políticas públicas que protejan el acceso a los genéticos preventivos en la rama de la oncología; y finalmente el análisis preventivo de la introducción de nuevas tecnologías que pueden afectar el genoma humano como Patrimonio de la Humanidad. La bioética intenta promover el análisis científico dentro de un marco que respete la dignidad inherente de las personas, sus derechos y su bienestar.

ASPECTOS ÉTICOS DEL INTERCAMBIO DE DATOS EN GENÓMICA CLÍNICA

Moya G. Laboratorio GENOS, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Bioética, Facultad de Ciencias Médicas, Pontificia Universidad Católica Argentina, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Bioética, Universidad Católica Santo Toribio de Mogrovejo USAT, Perú. E-mail: gracielamoya@uca.edu.ar; moya@genos.com.ar

El proyecto genoma humano facilitó el desarrollo de dos campos innovadores en la investigación científica. Por un lado, el abordaje de las potenciales implicancias éticas, legales y sociales desde el inicio del proyecto (programa ELSI, siglas en inglés), con una perspectiva preventiva. Por otro, el rápido intercambio de datos de investigación en forma colaborativa, preliminar y acelerada. En este trabajo se analizarán los principios científicos y éticos que sustentan el intercambio de datos genómicos; los desafíos científico-técnicos, ético-sociales, y regulatorios que genera el intercambio de datos genómicos, centrándose la necesidad de desarrollar bases de datos genómicos y en el uso secundario de datos; la implementación de iniciativas internacionales que orienten las diferentes estrategias que permiten recopilar, almacenar, transferir, acceder y analizar datos moleculares y otros relacionados con la salud; y las recomendaciones actuales que promueven la disminución de los riesgos para los participantes, los investigadores y los comités de ética de investigación. Se parte de la premisa de que el uso ético de datos masivos es un recurso innovador para garantizar que el proceso y los resultados de la investigación en genómica tengan como finalidad la protección del bienestar, los derechos y el beneficio de los pacientes y de la sociedad en general.

APLICACIÓN DE PRINCIPIOS BIOÉTICOS EN EL ASESORAMIENTO GENÉTICO ONCOLÓGICO Y EN LA COBERTURA DE ESTUDIOS MOLECULARES

Vargas Roig L.M. Instituto de Medicina y Biología Experimental de Cuyo (IMBECU), CONICET, Mendoza, Argentina; Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo; Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Mendoza, Mendoza, Argentina; Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: vargasl@mendoza-conicet.gob.ar

El Asesoramiento Genético Oncológico es un proceso que ayuda a individuos y familias a comprender y adaptarse a las implicancias médicas, psicológicas y sociales de las enfermedades oncológicas. Este asesoramiento debe brindar información precisa, completa y objetiva, estableciendo una relación empática con un alto grado de comprensión y comunicación que ayude a los individuos a trabajar en la toma de sus propias decisiones. Los principios bioéticos de libertad y responsabilidad, no maleficencia y beneficencia deben ser respetados en el Asesoramiento Genético Oncológico y verse reflejados en la firma del consentimiento informado. Por otra parte, la cobertura de los estudios moleculares, para definir el diagnóstico de cáncer hereditario y tomar medidas de reducción de riesgo, es un tema de salud pública donde deben primar principios bioéticos como el de justicia. Es importante mencionar sobre este aspecto, la sanción de la Ley provincial 9.055 en el año 2018, que permite realizar prevención primaria y secundaria de enfermedades tumorales malignas en la provincia de Mendoza.

¿PROTEGER AL GENOMA HUMANO?

Valera L. Centro de Bioética, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile, Chile; Departamento de Filosofía, Universidad de Valladolid, Plaza del Campus Universitario s/n, Valladolid, España. E-mail: luvalera@uc.cl; luca.valera@uva.es

Los avances recientes en la modificación genética, en la investigación biomédica en el ámbito de la edición del genoma humano y en sus aplicaciones clínicas, han implicado una mayor atención a la regulación legal y a la reflexión ética con respecto a la protección del genoma humano. A nivel internacional, distintos organismos, grupos de investigadores y países, han expresado su preocupación con referencia a los temas arriba mencionados. Entre ellos, Chile –en concreto la Comisión del Senado “Desafíos del Futuro”– ha empezado a tramitar un proyecto de ley que modifica la ley N° 20.120, sobre la investigación científica en el ser humano, su genoma y prohíbe la clonación humana, con el objeto de regular la edición del genoma humano y tipificar los delitos que indica (Boletín N° 15.076-11). En el presente trabajo, se destacan algunos elementos importantes y críticos de este proyecto de ley, tanto a nivel ético como legal, que tienen un impacto con referencia a la reflexión internacional sobre el tema. Además, se revisarán los principales documentos y normativas internacionales, haciendo hincapié en la propuesta de declarar al genoma humano como Patrimonio de la Humanidad (UNESCO).

ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA EN GENÉTICA

Coordinadora: Alejandra Mampel. UNCuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: mampelalejandra@gmail.com

La enseñanza de la genética es un continuo desafío sea cualquiera el lugar donde se realice. Las herramientas utilizadas para un aprendizaje significativo pueden variar según sean los temas, los objetivos propuestos, el grupo donde se aplicará y las condiciones disponibles. Podemos enseñar genética en un campo sembrado, con animales y también en un hospital. A pesar de variar los escenarios sabemos que existen conceptos transversales a todos ellos y esa idea inspiró este simposio en donde expertos de cada una de las áreas troncales de la genética nos muestran estrategias de enseñanza que permiten acercar de una manera creativa y atractiva, los conceptos fundamentales al estudiante.

ESTUDIO DE CASOS: ESTRATEGIA PARA LA ENSEÑANZA DE LA MEDICINA

Ávila S. Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Neuquén, Argentina. E-mail: silvia347@gmail.com

La enseñanza de la Genética en las Carreras de Medicina marca la necesidad de integrar contenidos de Ciencias Básicas en un ámbito eminentemente práctico, más aun considerando el perfil de médico orientado a la Atención Primaria. La enseñanza basada en casos constituye una herramienta fundamental para lograr esta integración. Es una estrategia que favorece el trabajo cooperativo y el desarrollo de competencias de comunicación que son esenciales para el ejercicio de la Medicina. Enseñar con casos no es presentarlos como ejemplo en una clase expositiva. Son instrumentos educativos complejos que revisten la forma de narrativas. Un caso incluye información y datos: psicológicos, sociológicos, científicos, antropológicos, históricos y de observación, además de material técnico. Se construyen en torno de problemas o de «grandes ideas»: puntos importantes de una asignatura que merecen un examen a fondo. Los problemas deben ser de la vida real con personas reales. Deben acompañarse de preguntas que orienten a la reflexión grupal, de actividades de seguimiento, de discusión informada y la formulación de conclusiones que den cuenta del análisis del caso y de sus posibles resoluciones. Presentamos los casos de una familia y los resultados de la pesquisa neonatal y otro vinculado con aspectos epidemiológicos de demencias rápidamente progresivas.

DERIVA GENÉTICA EN POBLACIONES VEGETALES: MICROEVOLUCIÓN AZAROSA – ENSEÑANZA CERTERA

Echeverría M.M.¹, M.V. García^{2,3,4}, S.M. Pistorale^{5,6}, E.F. Tocho⁷. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina; ²Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ³Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas (UNAM – CONICET), Misiones, Argentina; ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ⁵Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina; ⁶Departamento de Ciencias Básicas y Experimentales, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ⁷Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mecheverria@mdp.edu.ar; vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar; susanapistorale@gmail.com; etocho@agro.unlp.edu.ar

Al enseñar Genética de Poblaciones se repite que el equilibrio Hardy Weinberg (EHW) enuncia que las frecuencias

alélicas se mantienen constantes a través de las generaciones sin resaltar la relevancia biológica que su enunciado denota. En Genética de Poblaciones es crucial extrapolar la 1ra ley de Mendel al nivel de poblaciones y enunciar el EHW de manera de establecer que las frecuencias genotípicas de la progenie quedan definidas por las frecuencias alélicas de los padres y que éstas se mantendrán constantes de generación en generación si se cumplen los supuestos de EHW. Así, se incorpora la idea del análisis de la diversidad genética mediante el cambio en sus frecuencias alélicas que es resultado de la acción de los procesos microevolutivos, entre ellos la deriva genética. El entender la acción azarosa de este proceso sobre la diversidad genética poblacional es relevante en el marco de la teoría neutral de la evolución molecular que subyace a los estudios poblacionales, basados en el empleo de marcadores moleculares generados en regiones no codificantes del genoma. El estudio de este proceso es importante tanto en poblaciones vegetales naturales como en poblaciones mejoradas. Un aprendizaje lúdico permite la comprensión y el análisis del EHW. Para ello, se presenta una estrategia de enseñanza del cambio al azar de las frecuencias alélicas empleando confites de colores que permitirá una participación activa de los estudiantes, quienes, por azar, irán reduciendo el tamaño poblacional y analizando el cambio consecuente en las frecuencias alélicas poblacionales.

EQUILIBRIO DE HARDY-WEINBERG: COLOR DE CAPA EN EL GANADO SHORTHORN, UN EJEMPLO QUE VIENE AL PELO

Padula G.^{1,2}, A. Seoane^{1,3}. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), Ing. Fernando Noel Dulout, Facultad de Ciencias Veterinarias (CONICET-UNLP), La Plata, Argentina; ²Antropología Biológica III, Facultad de Ciencias Naturales y Museo (UNLP), La Plata, Argentina; ³Genética de Poblaciones y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias (UNLP), La Plata, Argentina. E-mail: giselpadula@conicet.gov.ar; aseoane@fcv.unlp.edu.ar

La genética de poblaciones estudia la variación genética y los cambios en la composición que resultan de la intervención de factores evolutivos. El primer paso para describir genéticamente una población es estimar las frecuencias fenotípicas, alélicas y genotípicas. Para predecir la composición genética de un locus en la siguiente generación se utilizan modelos matemáticos que permitan realizar estimaciones. La ley del equilibrio o Ley de Hardy-Weinberg establece que la composición genética de una población infinitamente grande con apareamiento al azar, no alterada por selección, migración, mutación o deriva génica, permanecerá invariable en el tiempo. Según el modelo matemático que surge de esta ley las frecuencias de los tres genotipos (homocigota dominante y recesivo y heterocigota) estarán dados por el desarrollo del binomio $(p+q)^2=p^2+2pq+q^2=1$. Para acercar a los estudiantes el concepto de frecuencias alélicas y genotípicas se utiliza primero la teoría de conjuntos, empleando representaciones gráficas de las poblaciones, los individuos y los alelos, calculando las frecuencias de manera intuitiva y visual. Luego se aplican diferentes fórmulas a partir de un ejemplo en una población de ganado Shorthorn, en la cual el color de capa está determinado por un gen autosómico codominante. Este mismo ejemplo se utiliza para calcular el equilibrio del locus en esta población hipotética. Los términos “frecuencias” y “equilibrio” son conceptos abstractos; la labor del docente debe centrarse en lograr no sólo su aprendizaje sino también su comprensión, dada la importancia de los mismos.

ENFERMEDAD DE DUCHENNE DESDE LA CLÍNICA A LO MOLECULAR. LA IMPORTANCIA DEL DIAGNÓSTICO TEMPRANO

Coordinadora: Alejandra Mampel. Instituto de Genética, Hospital Universitario, UNCuyo, Mendoza, Argentina.

E-mail: mampelalejandra@gmail.com

Existe más de un centenar de tipos de distrofias musculares. Sin embargo, entre las de mayor frecuencia en la práctica clínica se encuentra la enfermedad de Duchenne/Becker. Esta es una enfermedad crónica, progresiva e invalidante. En este simposio se abordarán de los aspectos clínicos y moleculares más relevantes que permiten realizar el diagnóstico de certeza y desde el cual se proponen tratamientos y seguimientos ajustados al paciente, así como la aplicación de estrategias terapéuticas específicas. Desde la descripción de los signos y síntomas de la enfermedad realizados por el neurólogo francés Guillaume Duchenne en 1861, hasta la posibilidad de realizar diagnóstico de certeza en pacientes y portadoras en la actualidad, se han logrado avances que han modificado significativamente. Además, el diagnóstico molecular y la aplicación de terapias dirigidas en estos pacientes, impacta sobre la posibilidad de mejorar su calidad de vida llevando a requerir una revisión y actualización constante.

ASPECTOS CLÍNICOS EN LA HISTORIA NATURAL DE LA Distrofia Muscular DE DUCHENNE

Montes C.C. División Genética Médica, Hospital de Niños de la Santísima Trinidad de Córdoba, Córdoba,

Argentina; Genética Médica, Instituto Universitario de Ciencias Biomédicas de Córdoba, Córdoba, Argentina.

E-mail: montesceciliadelcarmen@gmail.com

La distrofia muscular de Duchenne (DMD) es una enfermedad hereditaria recesiva ligada al X, originada por mutaciones en el gen *DMD*, cuyo producto proteico es la distrofina; esta es una proteína sub-sarcolémica que sirve de anclaje entre el citoesqueleto y la membrana citoplasmática, se expresa principalmente en músculo estriado y en otros tejidos como el cerebro; es fundamental para dar estabilidad estructural a la fibra muscular. DMD es la distrofia muscular más frecuente y severa en la edad pediátrica y tiene una frecuencia de 1 en 3.500 a 5.000 varones. Existe una variabilidad clínica marcada por la historia natural de la enfermedad; describiéndose las siguientes fases: presintomática, de 0 a 2 años; ambulante inicial, de 2 a 3 años; ambulante tardía, de 5 a 12 años; no ambulante inicial, de 12 a 16 años; para finalizar en una etapa no ambulante tardía luego de los 20 años. El abordaje multidisciplinar de estos pacientes y el uso de corticoides, independientemente del mecanismo mutacional, iniciados a edades tempranas, ha cambiado la historia natural de la enfermedad, prolongando la marcha hasta los 14-16 años y previniendo la aparición de la escoliosis. En los últimos años DMD ha sido pionera en ensayos clínicos, lográndose grandes progresos terapéuticos para tratar de modificar o bloquear diferentes consecuencias de la enfermedad. En este simposio se conversarán los aspectos clínicos, no solo musculares sino también sistémicos, correlación genotipo fenotipo, lionización del cromosoma X, asesoramiento genético, tratamientos y abordaje multidisciplinar de esta enfermedad.

LA IMPORTANCIA DEL DIAGNÓSTICO MOLECULAR PARA EL ABORDAJE DE LA DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE

Giliberto F. Laboratorio de Distrofinopatías, Cátedra de Genética, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Inmunología, Genética y Metabolismo (INIGEM), CONICET-UBA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: gilibertoflor@gmail.com

Duchenne es una distrofia muscular severa de las más frecuentes en la infancia (1:3.500), producida por alteraciones en el gen *DMD*. Es de herencia recesiva ligada al cromosoma X, siendo los principales afectados varones, aunque algunas mujeres la padecen también. Está caracterizada por debilidad muscular progresiva que lleva a la pérdida gradual de las funciones motoras generando una severa discapacidad. El diagnóstico temprano es fundamental para accionar precozmente ya que, gracias a eso, se implementan los cuidados específicos para estos niños. Su diagnóstico no es sencillo desde la clínica ya que posee una sintomatología común con otras distrofias musculares. Por lo tanto, el abordaje molecular es fundamental para alcanzar el diagnóstico diferencial y determinar el accionar médico. Para eso elaboramos un algoritmo diagnóstico basado en las guías de recomendaciones internacionales para Duchenne, aplicando estudios de MLPA, NGS (paneles *in silico*), PCR-Sanger, ARNm y herramientas bioinformáticas. Llevamos analizadas más de 2.500 muestras de personas afectadas por esta severa enfermedad, unos 500 MLPAs y 200 Exomas. Resumiré nuestra experiencia en el tema para sumergirlos en el gen *DMD*, y enseñar algunos desafíos a los que nos enfrentamos a la hora de analizarlo. Se mostrarán casos para ilustrar las estrategias diagnósticas y los razonamientos que las acompañan. Enfatizaremos el porqué de la importancia de compartir públicamente las variantes halladas en nuestros estudios. Finalmente, abordaremos las estrategias terapéuticas gen-mutación dependiente que se están llevando adelante para Duchenne.

ACTUALIZACIÓN DIAGNÓSTICO PRENATAL

Coordinadora: Silvia Avila. Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Cipolletti, Río Negro, Argentina. E-mail: silvia347@gmail.com

DESAFÍOS ACTUALES DEL ASESORAMIENTO GENÉTICO PRENATAL

Avila S.¹. Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Cipolletti, Río Negro, Argentina. E-mail: silvia347@gmail.com

Las pruebas preimplantatorias y prenatales para anomalías cromosómicas están diseñadas para proporcionar una evaluación del riesgo de un paciente de llevar un feto con un trastorno cromosómico. Se encuentra disponible una amplia variedad de pruebas de detección y diagnóstico prenatales; cada una ofrece diferentes niveles de información y rendimiento, y cada una tiene ventajas y limitaciones relativas. Cada prueba tiene una indicación que puede ser el tamizaje sin ningún factor de riesgo, o la detección cuando una prueba inicial, como por ejemplo el *screening* combinado del primer trimestre, arrojó un valor de riesgo moderado, o cuando se detectaron anomalías ecográficas o existe ya una situación de riesgo a priori. Varios países establecen normativas de cobertura de los estudios, elaboran recomendaciones y realizan campañas de información para su población. Cada caso debe analizarse de modo personal. Esto permite la toma de decisiones complejas por parte de la paciente teniendo en cuenta los recursos de atención médica accesibles, los valores, los intereses y las metas. A todas las pacientes se les debe ofrecer pruebas de detección y de diagnóstico, y todas las pacientes tienen derecho a aceptar o rechazar las pruebas después del asesoramiento. Este asesoramiento genético no es sencillo ya que involucra entender parámetros estadísticos y conceptos de riesgo en el marco de una situación personal compleja como es el tránsito de un embarazo en una condición social y personal determinada, con un contexto personal y familiar que es único.

DIAGNÓSTICO PRENATAL CITOGÉNICO

Juchniuk M.S. Centro Materno Infantil, Hospital Zonal Trelew, Trelew, Chubut, Argentina. Email: ivijuchniuk@hotmail.com

El diagnóstico prenatal comprende a todas las acciones diagnósticas prenatales que tienen por objeto identificar intraútero defectos congénitos, los cuales presentan una incidencia de 2,5 al 5% en recién nacidos vivos. Estas acciones diagnósticas pueden ser invasivas y no invasivas. Dentro de las acciones invasivas se encuentran la biopsia de vellosidades coriónicas y la amniocentesis que permiten la obtención del cariotipo fetal. El cariotipo constitucional de un individuo es determinado en la concepción. Las mitosis sucesivas darán lugar a copias de este complemento cromosómico en todas las células, que posteriormente originarán los distintos tejidos. Estos incluyen tanto al tejido fetal propiamente dicho como a los tejidos extraembrionarios. El cariotipo fetal puede obtenerse a partir de vellosidades coriónicas (biopsia) o líquido amniótico (amniocentesis) y su análisis permite identificar mediante técnicas de citogenética clásica la constitución cromosómica del feto que permitirá obtener información precisa para un correcto asesoramiento genético. El objetivo principal de la disertación es introducir conceptos básicos del diagnóstico prenatal citogenético con técnicas clásicas, sus ventajas, limitaciones y posibles resultados.

HIBRIDACIÓN *IN SITU* CON FLUORESCENCIA (FISH) EN DIAGNÓSTICO PRENATAL: UN MÉTODO RÁPIDO Y EFICAZ

Martinez Taibo C. Laboratorio de Citogenética, Hospital Dr. Arturo Oñativia, Salta, Argentina; Laboratorio de Genética Humana, Instituto Médico de Alta Complejidad (IMAC), Salta, Argentina. E-mail: cmartineztaiibo@yahoo.com.ar

La utilización de la técnica de Hibridación *In Situ* con Fluorescencia (FISH) aplicada al diagnóstico prenatal citogenético en embarazos de alto riesgo es una vía rápida para establecer un nexo entre los genes y los cromosomas sin necesidad de realizar cultivos celulares. Presenta múltiples beneficios, por lo que aun con las técnicas de mayor complejidad hoy disponibles, se sigue empleando. Permite la detección de anomalías cromosómicas en células en interfase, lo que fue un avance importante en el diagnóstico prenatal. Posibilita realizar el diagnóstico citogenético en cualquier fase del ciclo celular y en múltiples tejidos. Detecta las aneuploidías más frecuentes (13, 18, 21, X y Y) y además síndromes por microdeleciones y microduplicaciones (aberraciones crípticas) no diagnosticadas por métodos convencionales. Detecta desbalances cromosómicos producto de reordenamientos cromosómicos equilibrados en los padres. Permite caracterizar dicéntricos, isocromosomas, cromosomas en anillo y marcadores. Reduce el periodo de espera del resultado del análisis citogenético convencional luego de la obtención de la muestra, el que puede conducir a un elevado grado de ansiedad en los pacientes. Abreviar ese lapso, generalmente de 7 a 20 días, es de gran beneficio tanto para la paciente como para el médico. El resultado puede ser obtenido en 24 a 48 horas. Actualmente, además se emplea para confirmar un resultado detectado por técnicas de diagnóstico prenatal no invasivas. La técnica de FISH es complementaria a la citogenética clásica, debiéndose corroborar los resultados cuando sea posible.

ESTUDIOS GENÉTICOS PREIMPLANTATORIOS (PGT): PASADO, PRESENTE Y FUTURO

Fernández C. Novagen y CEGyR, CABA, Argentina. E-mail: cecilia.fernandez@novagen.com.ar

El estudio preimplantatorio (PGT) se realiza dentro de un tratamiento de reproducción asistida, requiere de la biopsia de unas pocas células de embriones fertilizados *in vitro* y tiene como objetivo seleccionar a los embriones no afectados para su transferencia al útero. Se puede realizar para la detección de aneuploidías (PGT-A), reordenamientos cromosómicos estructurales (PGT-SR) o defectos de un solo gen (PGT-M). Aunque los estudios genéticos en pocas células son un desafío, el PGT ha evolucionado a partir de un procedimiento experimental en la década de 1990, a una alternativa para el diagnóstico prenatal invasivo. Las mejoras técnicas y el aumento de la resolución y la sensibilidad permiten la identificación del mosaicismo cromosómico así como la detección de anomalías subcromosómicas, como deleciones y duplicaciones segmentarias. Actualmente, se han desarrollado técnicas no invasivas (miPGT-A y niPGT), que fueron posibles luego del descubrimiento de ADN libre en el líquido del blastocelo y en el medio del cultivo embrionario. Por otra parte, la capacidad de contar con información de todo el genoma a partir de las biopsias, ha ampliado el alcance del PGT al llamado PGT-P, que clasifica los embriones en función de su susceptibilidad genética o riesgo poligénico a una variedad de enfermedades complejas. Las metodologías empleadas están en constante evolución, habiendo pasado por varios cambios desde su inicio, incluso en nombre de PGS y PGD, a PGT, y se han incorporado y aprovechado los nuevos desarrollos técnicos, metodológicos y bioinformáticos.

DETECCIÓN DE ANEUPLOIDÍAS DE CROMOSOMAS 21, 18 Y 13 POR ADN LIBRE DE CÉLULAS (CFADN). UN DESAFÍO PARA EL ASESORAMIENTO GENÉTICO

Avila S. Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Cipolletti, Río Negro, Argentina.

E-mail: silvia347@gmail.com

La prueba prenatal no invasiva (NIPT) constituye el método de tamizaje más preciso para la estimación de riesgo de aneuploidías de los cromosomas 21, 13 y 18. Analiza pequeños fragmentos de ADN (cfADN) que se desprenden de células apoptóticas de la placenta hacia la sangre materna. Requiere de una fracción fetal igual o mayor al 4% y es una prueba de detección, por lo que los resultados pueden involucrar la necesidad de pruebas de confirmación. NIPT es una herramienta importante para la detección prenatal y fue recomendada por la Sociedad Internacional para el Diagnóstico Prenatal (ISPD) y el Colegio Americano de Obstetras y Ginecólogos (ACOG) desde 2012 como una prueba para embarazadas con alto riesgo de aneuploidía cromosómica. En el meta-análisis más citado (Gilbert, 2017) la tasa de detección y de falsos positivos para T21 fue del 99,7% y 0,04%, para T18 de 97,9% y 0,04%, y para T13 de 99% y 0,04%. Cada laboratorio provee sus propios valores. Se dispone de un calculador de riesgo para obtener en cada caso el Valor Predictivo Positivo y el Valor Predictivo Negativo de la Sociedad de Consejeros Genéticos de EE.UU. (<https://www.perinatalquality.org/vendors/nsgc/nipt/>). La prueba NIPT constituye un desafío para el asesoramiento genético habida cuenta especialmente de las dificultades en la comprensión general del concepto de riesgo y los parámetros estadísticos involucrados.

PRESENTE Y FUTURO DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEBADA EN ARGENTINA

Coordinadores: Bossio A.E.¹, G.A. González². ¹Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA – INTA, Hurlingham, Argentina; ²EEA INTA Bordenave, Púan, Argentina. E-mail: bossio.ezequiel@inta.gob.ar; gonzalez.ga@inta.gob.ar

Diez mil años después de que comenzara su domesticación, la cebada es el cuarto cereal más cultivado después del trigo, el maíz y el arroz, plantándose en una amplia variedad de entornos en diversas partes del mundo. Los cultivares de cebada sembrados en nuestro país se separan en pastoriles y graníferos. Asimismo, los graníferos pueden dividirse en cerveceros (para malteado en producción de bebidas alcohólicas) y en forrajeros (grano forrajero para alimentación de animales de producción). Particularmente durante la última década, la producción de cebada en nuestro país registra un consistente incremento, asociado tanto al aumento de la superficie sembrada, como al incremento en la productividad, motivando a la permanente actualización de los cultivares. En Argentina, el mejoramiento genético de este cultivo está orientado a generar variedades de alta productividad, alta calidad y buen comportamiento sanitario, siendo fundamental para poder abordar estos objetivos, comprender los procesos que determinan el desarrollo, el crecimiento y el rendimiento. Actualmente, las capacidades para el mejoramiento genético y agronómico están presentes tanto en el sector público (academia e institutos de investigación) como en el sector privado, con fuerte articulación entre ambas. El objetivo de este simposio es conocer la actualidad del mejoramiento genético y agronómico de la cebada en Argentina, considerando para ello los distintos abordajes que se están realizando desde el sector universitario, así como desde los programas de mejoramiento público y privado en nuestro país.

CEBADA CERVECERA: ¿QUÉ CARACTERES FISIOLÓGICOS FUERON MODIFICADOS POR EL MEJORAMIENTO EN LOS ÚLTIMOS 40 AÑOS EN ARGENTINA?

Miralles D.J.^{1,2,3}, V. Giménez^{1,2}, N. Ciancio^{1,2}, L.G. Abeledo^{1,2,3}. ¹Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²CONICET, Argentina; ³IFEVA, CABA Argentina. E-mail: miralles@agro.uba.ar

La cebada es el cuarto cereal más importante del mundo con el 7% del área cultivada con cereales. En Argentina, la cebada se utiliza principalmente para la maltería siendo el proveedor más importante para Sudamérica. Debido a que no hay estudios del progreso genético del cultivo en los últimos 40 años, los objetivos de este trabajo fueron: i) determinar la mejora genética sobre el rendimiento potencial del cultivo e ii) identificar los atributos fisiológicos asociados al rendimiento de cebada cervecera en Argentina bajo condiciones no restrictivas. Se realizaron experimentos de campo en FAUBA durante los años 2020 y 2021. Se analizaron once cultivares representativos, liberados en el mercado argentino desde 1982 hasta 2019, sembrados en parcelas a campo (6,125 m² a una densidad de 270 pl m⁻²) con cuatro repeticiones. Los resultados mostraron que la duración del ciclo desde emergencia hasta madurez fisiológica, medida en tiempo térmico, se incrementó (3 °Cd año⁻¹; $p < 0,05$), no afectándose el período de llenado de granos. El rendimiento aumentó a razón de 69 kg ha⁻¹ año⁻¹ (de 6 a 9 Tn ha⁻¹) debido a un aumento en el número de granos por unidad de área (77 granos m⁻² año⁻¹) así como en promedio peso de grano (0,22 mg año⁻¹). La misma tendencia se observó en el índice de cosecha que se incrementó de 0,4 a 0,5. En resumen, los mejoradores aumentaron el rendimiento durante los últimos 40 años debido a los aumentos en número y peso de grano. Con respecto a los componentes fisiológicos del rendimiento, las ganancias de rendimiento se asociaron principalmente con el índice de cosecha

DESARROLLO DE CULTIVARES DE CEBADA PARA DIFERENTES USOS Y REGIONES EN ARGENTINA

Giménez F.J., A. González, V. Conti, G.A. González. Grupo de Mejoramiento y Calidad Vegetal, EEA INTA Bordenave, Púan, Buenos Aires, Argentina. E-mail: gimenez.fernando@inta.gob.ar

En Argentina, en la campaña 2021/22 se sembraron 1,63 M ha de cebada, cosechándose 1,33 M y una producción de granos de 5,3 M de Tn. Se estima que 300.000 ha son destinadas a pastoreo y ensilajes. La continua generación de variabilidad y selección de genotipos permite la acumulación de genes que expresan características favorables de productividad, adaptabilidad y buen comportamiento frente a diversos estreses. Desde los programas de mejoramiento las cebadas graníferas se seleccionan a partir de germoplasma con aptitud cervecera, donde además se busca estabilidad en el tamaño de los granos y calidad industrial. Por otro lado, el desarrollo de germoplasmas con aptitud forrajera ha permitido la liberación de cultivares cada vez más productivos, estables y resistentes a enfermedades y plagas, como el pulgón verde *S. gramineanum*, lo que evita pérdidas de plantas y el uso de insecticida. El ensilado de planta entera permite generar reservas de forraje conservando la calidad nutricional; la cebada es uno de los mejores cereales de invierno para esta tecnología, esto se refleja en los niveles de adopción de cultivares liberados para tal fin. Además, se ha encontrado variabilidad genética en la digestibilidad de la biomasa ensilada, lo que permitió seleccionar genotipos de alta productividad y sanidad con mejores niveles de digestibilidad que los cultivares tradicionales. En conclusión, la cebada es un cereal con amplia versatilidad de usos y cada uno es abordado, desde los programas de mejoramiento, logrando variedades con características específicas para cada requerimiento.

ROL DE LA INDUSTRIA MALTERA EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEBADA EN ARGENTINA

Scanlan J.B. Boortmalt Argentina S.A.U., CABA, Argentina. E-mail: john.scanlan@boortmalt.com

La industria maltera y cervecera juega un rol central en el mejoramiento genético en nuestro país. Durante muchos años la industria local fue el único impulsor del desarrollo genético de cebada, principalmente mediante sus cruzamientos realizados en el país. Hoy la industria ha dejado de realizar cruzamientos en el país, pero sí dirige cruzamientos realizados en el exterior. También adapta de manera exitosa germoplasma extranjero, principalmente de Alemania, Francia e Inglaterra y, a su vez, testea y acompaña el trabajo realizado por el INTA. Las principales empresas semilleras globales de cebada poseen programas de testeo de materiales en Argentina y los licencian a las malteras y cerveceras locales luego de que éstas los hayan evaluado, tanto en sus aptitudes agronómicas como de calidad industrial. La cebada en el país tiene un abrumador porcentaje de genética cervecera en cuanto a área sembrada, y un muy pequeño porcentaje de genética forrajera. Esto le ha permitido que el grano cosechado, incluso con calidad forrajera, haya tenido un sobreprecio en el mercado internacional de granos, ya que es ampliamente reconocida su calidad industrial general, siendo valorada por malteros a un precio intermedio entre la cebada forrajera y la cervecera. El desafío permanente es lograr mejores adaptaciones, con mayor presencia de cruzamientos específicamente dirigidos a nuestro país, que poseen mejores resultados que las adaptaciones directas, con el objetivo de tener un cultivo agronómicamente competitivo frente al trigo, que cuenta con mayores recursos invertidos en mejoramiento.

DIVERSIDAD GENÉTICA Y CONSERVACIÓN DE LA FLORA DEL DOMINIO CHAQUEÑO

Coordinadora: Viviana Solís Neffa. IBONE (UNNE-CONICET) - FACENA (UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: vsolneff@gmail.com; viviana.solis@comunidad.unne.edu.ar

El Neotrópico es la región más biodiversa del mundo. Comprende extensas selvas tropicales, pero también otras ecorregiones y tipos de hábitats ricos en especies, como los bosques, las sabanas y los pastizales. Los patrones de biodiversidad de la flora neotropical resultarían, en parte, de la influencia ejercida por los cambios climático-ambientales históricos. En la actualidad, la fragmentación de los hábitats, el avance de la frontera agrícola y el cambio en el uso del suelo provocan la degradación y desaparición de miles de hectáreas de bosque nativo y de pastizales naturales. Además, las áreas protegidas actualmente corresponden a un porcentaje muy por debajo de los sugeridos, siendo necesario fortalecer significativamente el sistema. En este simposio, se sintetizan los resultados de las investigaciones acerca de la biología evolutiva y del efecto de los cambios climático-ambientales históricos en los patrones actuales de diversidad genética llevados a cabo en especies relevantes de los bosques y pastizales naturales de los Dominios Chaqueño y Amazónico. Además, se evalúa la posible pérdida de diversidad genética de algunas especies debida al cambio climático y disturbios antropogénicos. Finalmente, se exploran algunas perspectivas para emplear los datos de genética de poblaciones en los esfuerzos de conservación y uso sustentable de la flora regional.

WHAT WE KNOW ABOUT PLANT MICROEVOLUTION IN CAMPOS SULINOS GRASSLANDS: A PERSPECTIVE FOR CONSERVATION

Segatto A.L.A.¹, I.V. Quintana², C. Turchetto^{2,3}. ¹Departamento de Bioquímica e Biología Molecular, Centro de Ciências Naturais e Exatas, Universidade Federal de Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brazil; ²Pos graduate program of Botany, Department of Botany, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil; ³Pos graduate Program of Genetics and Molecular Biology (PPGBM), Department of Genetics, Bioscience Institute, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brazil. E-mail: caroline.turchetto@ufrgs.br, analuciasegatto@gmail.com

The Campos Sulinos is a grassland ecosystem occurring in Brazilian territory that belongs to two phytogeographic domains, the Brazilian Atlantic Forest and the Pampa. Floristic and phylogenetic analyses have pointed the vegetation differences in those open ecosystems. Thus, it is crucial to understand the process driving plant diversity within each region to identify the main ecological drivers of genetic structure at different spatial scales and to forecast the response of grassland species to climate change. Here we conducted a systematic review for synthesizing research findings in plant microevolution in Campos Sulinos. Then, we summarize the research through meta-analyses and narrative reviews. We also explored some perspectives to employ population genetics data in conservation efforts. Our synthesis of 59 studies represents 28 genera and 19 plant families, most of which are herbs. Most species showed structured populations, the levels of genetic diversity were high, and some species presented a north-south gradient of genetic diversity. Although the influence of Pleistocene past climate changes on the habitat distribution is associated with the diversification patterns in plant species from Campos Sulinos, the rapid environmental changes coupled with the habitat loss due to land use can threaten the persistence and evolution of species. Finally, we argued that, whenever possible, the management in the Anthropocene should include the conservation of populations' genetic diversity.

LA GEOGRAFÍA DE LA VULNERABILIDAD DE *Aspidosperma quebracho-blanco* Schltdl. (APOCYNACEAE), UNA ESPECIE EMBLEMÁTICA DEL GRAN CHACO SUDAMERICANO

Almirón Noelia E.A.¹, G. Vía do Pico¹, A. Cosacov², E.N. Paredes¹, G.A. Robledo Dobladez^{1,3}, V.G. Solís Neffa^{1,3}.

¹Laboratorio de Citogenética y Evolución Vegetal, Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET – Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ²Laboratorio de Ecología Evolutiva-Biología Floral, Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET-Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ³Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: emiliaalmiron@yahoo.com.ar

Aspidosperma quebracho-blanco es una especie clave del Gran Chaco, uno de los bosques más amenazados en Sudamérica. El conocimiento de la diversidad genética, la distribución geográfica y ecología de especies clave es fundamental para la planificación y previsión de la conservación de los bosques. Combinando análisis genético-poblacionales, de modelado de nicho ecológico (ENM) presente y futuros, uso y cobertura de suelo (LULC) y la presencia de áreas protegidas (AP) analizamos el impacto del uso del suelo y el cambio climático en los patrones de variabilidad genética y la distribución de la especie, con el objetivo de cartografiar su vulnerabilidad y proponer estrategias de conservación. Los resultados mostraron una estructura genética moderada y tres grupos genéticos en *A. quebracho-blanco*. Los ENM futuros revelaron la reducción de la idoneidad climática para la especie y una tendencia al desplazamiento hacia el sur-sureste. Más del 50% de la distribución de la especie está afectada principalmente por el uso agropecuario. El ENM presente+AP indicó una sub-representación del área de distribución potencial de la especie. Se identificaron cuatro áreas con diferentes niveles de vulnerabilidad, donde proponemos conservación *in situ*, *ex situ* o restauración según cada caso. A corto plazo *A. quebracho-blanco* debería ser re-clasificada como amenazada o en peligro y sugieren la necesidad de priorizar la conservación y restauración de las poblaciones remanentes y la ampliación de los espacios naturales tanto en áreas protegidas como en los sistemas agropecuarios.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE ÁRBOLES DEL CHACO SECO: LOS DATOS CRECEN, LA APLICACIÓN EN CONSERVACIÓN DA SUS PRIMEROS PASOS

Camps G.A.¹, A.N. Sérsic¹, M.C. Acosta^{1,2}, A. Verga³, C. Vega⁴, D. Lopez-Lauenstein⁴, D. Aguilar¹, M. Baranzelli¹, M.L. González¹, G.M. Vía Do Pico⁵, N.E. Almirón⁵, V. Solís Neffa⁵, A. Cosacov¹. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET-UNC, Córdoba, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, UNC, Córdoba, Argentina; ³Agencia de Extensión Rural La Rioja – INTA, La Rioja, Argentina; ⁴Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV), CIAP-INTA, Córdoba, Argentina; ⁵Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: campsandres@gmail.com

Los estudios en diversidad genética de especies arbóreas del Chaco Seco se han incrementado en la última década, no así su utilización como herramientas de conservación. El objetivo fue revisar los estudios sobre diversidad genética de especies forestales del Chaco Seco e identificar herramientas de genética de la conservación utilizadas y potenciales. La información genética provino de regiones no codificantes del ADNcp y ADNn y microsatélites de ADNn, en muestras de Argentina, Bolivia y Paraguay. Se estudió la diversidad genética de *Gonopterodendron sarmientoii* (Lorentz ex Griseb.) A.C. Godoy-Bürki, *Prosopis alba* Griseb., *P. chilensis* (Molina) Stuntz y *Aspidosperma quebracho-blanco* Schltdl. Análisis sobre estructura genética poblacional, filogeografía, índices de diversidad y demografía histórica fueron los más utilizados. Las herramientas genéticas para la conservación incluyeron propuestas de unidades de conservación, bancos de germoplasma y áreas de rescate genético; como aplicaciones potenciales se propusieron unidades ecológicas-evolutivas, estrategias de reforestación, monitoreo de erosión genética y la identificación de áreas de manejo sostenible, entre otras. Algunos desafíos comprenden estudiar especies débilmente investigadas como *Libidibia paraguariensis* (D. Parodi) G.P. Lewis, *Schinopsis* spp., *Tabebuia*

nodosa (Griseb.) Griseb., la integración disciplinaria, el fortalecimiento nexo ciencia-práctica, la incorporación implícita de objetivos y metodologías de conservación y planificación para relevar datos genéticos en áreas cercanas (conservación a nivel paisaje).

FILOGEOGRAFÍA Y ESTRUCTURA GENÉTICA APLICADA A LA CONSERVACIÓN DE ESPECIES DE LA FAUNA CHACO-PAMPEANA

Coordinadora: Susana Pistorale. Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: susanapistorale@unnoba.edu.ar

La actual crisis de biodiversidad generada por la extinción de especies requiere la identificación de áreas prioritarias para dirigir recursos económicos, así como la planificación e implementación de estrategias efectivas de conservación. En este contexto, el conocimiento de los patrones filogeográficos y genético-poblacionales de las especies de la fauna autóctona resulta fundamental para comprender los patrones de distribución de la variabilidad genética, así como los procesos evolutivos que los determinan. Esta información resulta relevante para la definición correcta de unidades biológicas para el establecimiento de prioridades de manejo y conservación. Asimismo, los estudios de ADN ambiental representan un método de monitoreo indirecto de fauna que resulta eficaz para aportar al diseño de planes para su manejo y conservación. La fauna nativa de la región Chaco-Pampeana incluye una gran diversidad y abundancia de especies. En la actualidad, muchas de ellas están amenazadas directa o indirectamente debido, principalmente, a la pérdida de hábitat, la transformación de ecosistemas naturales en tierras de uso agropecuario, la expansión de los asentamientos humanos, la caza y la introducción de especies exóticas, no existiendo acciones coordinadas para su conservación en el país. En este Simposio se analizan los patrones genético-poblacionales y filogeográficos de especies relevantes de la fauna chaco-pampeana, su aplicación a la identificación en la conservación de la diversidad biológica y en planes de reintroducción y monitoreo.

GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN DE FAUNA SILVESTRE: DOS EJEMPLOS DE SU APLICACIÓN EN ARGENTINA

Amavet P. Laboratorio de Genética, Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral-CONICET, Santa Fe, Argentina. E-mail: pamavet@fhuc.unl.edu.ar

Muchas especies de fauna silvestre poseen problemas de conservación debido a diferentes actividades antrópicas que amenazan sus poblaciones. La tortuga terrestre argentina (*Chelonoidis chilensis*) es categorizada como Vulnerable por IUCN, pero se comercializa ilegalmente como mascota en Argentina. A partir de una campaña de una asociación proteccionista, 33 tortugas mantenidas como mascotas fueron entregadas a un Centro de Rescate de Fauna de Santa Fe con el objetivo de reintroducirlas en la naturaleza. Para analizar la factibilidad de la liberación de los individuos se los evaluó clínica y conductualmente, y se determinó su población de origen mediante su haplotipo mitocondrial. Como resultado se liberaron 26 tortugas dentro de su población de origen y monitoreos posteriores demostraron que su reintroducción fue exitosa. Otra especie que en nuestro país está categorizada como Vulnerable es el aguará guazú (*Chrysocyon brachyurus*), declarada Monumento Natural Provincial en Santa Fe, Corrientes, Chaco y Misiones. A pesar de poseer dicha categoría de conservación, la situación real de sus poblaciones es desconocida, no existiendo acciones coordinadas para su conservación en el país. Para evaluar su situación poblacional en Santa Fe se desarrollaron estudios de ADN ambiental mediante el análisis de muestras de agua y suelo. Los resultados muestran la presencia de ejemplares de aguará guazú en diferentes ambientes y que los estudios de ADN ambiental representan un método de monitoreo indirecto de fauna, eficaz para aportar al diseño de planes para su manejo y conservación.

FILOGEOGRAFÍA Y TAXONOMÍA MOLECULAR APLICADAS A LA BIOLOGÍA DE LA CONSERVACIÓN: CASOS DE ESTUDIO EN ESPECIES DE *Ctenomys* Blainville Y EN *Puma concolor* L.

Fernández G.P.¹, M.E. Mac Allister^{1,2}, C.S. Carnovale^{1,2}, M.S. Mora^{2,3}, A. Travaini^{2,4}, J.I. Túnez^{2,5}, M.L. Merino^{1,6}. ¹Centro de Bioinvestigaciones, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA-CICPBA)/Centro de Investigaciones y Transferencias del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (CITNOBA-CONICET), UNNOBA-UNSAa, Buenos Aires, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ³Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMyC-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; ⁴Centro de Investigaciones Puerto Deseado (UNPA), Santa Cruz, Argentina; ⁵Grupo de Investigación en Ecología Molecular, Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-CONICET-UNLu), Buenos Aires, Argentina; ⁶Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CICPBA), Buenos Aires, Argentina. E-mail: gabriela.fernandez@nexo.unnoba.edu.ar

La transformación de ecosistemas naturales en tierras de uso agropecuario, la expansión de los asentamientos humanos, la caza, y la introducción de especies exóticas, afectan directa o indirectamente a gran parte de las especies nativas de todos los ecosistemas. Por esta razón, es fundamental conocer y definir correctamente las unidades biológicas, comprender los patrones de distribución de la variabilidad genética, sus características distintivas tanto a nivel intra como inter-específico, así como los procesos evolutivos que los determinan. Con esta finalidad se estimó la variabilidad genética y los principales quiebres filogeográficos en dos grandes grupos de mamíferos nativos, diferenciados tanto en sus características biológicas, como en sus problemáticas taxonómicas y de conservación; roedores subterráneos del género *Ctenomys* (grupo *talarum*) y poblaciones de *Puma concolor* del centro y sur de Argentina. Este abordaje metodológico fue realizado a partir del uso de marcadores moleculares mitocondriales (ej. ND5, D-loop y citocromo b). *Ctenomys talarum* y *C. pundti* no mostraron diferencias filogenéticas que justifiquen su asignación a Unidades Evolutivamente Significativas (UES) diferentes, mientras que en el caso de *P. concolor* se identificaron dos clados principales recíprocamente monofiléticos, concordantes con las subespecies *P. c. puma* y *P. c. cabreræ*. La definición de UES nos brinda un marco teórico valioso tanto para poner a prueba hipótesis taxonómicas, como para establecer prioridades entre grupos filogenéticos con fines de manejo y conservación.

FILOGEOGRAFÍA Y ESTRUCTURA GENÉTICA DEL CARPINCHO, *Hydrochoerus hydrochaeris* L., EN LA REGIÓN CHACO-PAMPEANA

Byrne M.S.^{1,2}, R.D. Quintana^{3,4,5}, M.L. Bolkovic⁶, J.I. Túnez^{1,2}. ¹Grupo de Investigación en Ecología Molecular (GIEM), Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-UNLu-CONICET), Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina; ³Laboratorio de Biodiversidad, Limnología y Biología de la Conservación, Instituto de Investigación e Ingeniería Ambiental (3iA), UNSAM, General San Martín, Buenos Aires, Argentina; ⁴GIEH, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA, Buenos Aires, Argentina; ⁵Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; ⁶Dirección Nacional de Biodiversidad, Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sustentable, Buenos Aires, Argentina. E-mail: solebyrne@gmail.com

El carpincho, *Hydrochoerus hydrochaeris* L., es un roedor herbívoro que habita en las cercanías de cuerpos de agua dulce de Sudamérica. En Argentina se lo encuentra desde el norte del país hasta el sur del Río Quequén Salado en el sur de la Provincia de Buenos Aires. A pesar de ser una especie ampliamente conocida, los estudios genético-poblacionales sobre ella son escasos. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue analizar la diversidad, estructura genética y la dinámica poblacional histórica de la especie en la región Chaco-Pampeana utilizando como marcador molecular secuencias de la región control del ADN mitocondrial obtenido a partir de muestras

no invasivas. Los resultados obtenidos de los análisis Bayesianos indicaron la existencia de cuatro Haplogrupos diferentes. El Haplogrupo I estuvo formado por individuos pertenecientes a la mayor parte del área de estudio, mientras que los restantes incluyeron individuos de sitios de Paraguay (Haplogrupos III y IV) o de Argentina (Haplogrupo II). La diversidad genética fue baja para los Haplogrupos I, III y IV. Los datos obtenidos sugirieron que los ríos Paraná y Paraguay actuarían como corredores que facilitarían la migración. Los análisis de dinámica poblacional histórica y la red de haplotipos mostraron expansiones poblacionales en el pasado y una zona de contacto secundario entre los Haplogrupos I-II y I-IV, lo que podría relacionarse con la formación de los Esteros del Iberá. Estos resultados deben tomarse como hipótesis para futuros estudios genético-poblacionales en la especie y en otras que habiten en la región.

EVALUACION DE LA HIPOTESIS DE BARRERAS RIBEREÑAS EN LA CUENCA SUBTROPICAL MAS GRANDE DEL NEOTROPICO

Kopuchian C.¹, L. Campagna^{2,3}, D.A. Lijtmaer⁴, G.S. Cabanne⁴, N.C. García^{2,4}, P.D. Lavinia⁴, P.L. Tubaro⁴, I. Lovette^{2,3}, A.S. Di Giacomo¹.¹Laboratorio de Biología de la Conservación, CECOAL (Centro de Ecología Aplicada del Litoral) CONICET, Corrientes, Argentina; ²Fuller Evolutionary Biology Program, Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, USA; ³Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University, Ithaca, USA; ⁴División Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" MACN-CONICET, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. E-mail: ckopuchian@gmail.com

La hipótesis de barreras ribereñas propone que los grandes ríos representan una barrera geográfica para dispersión de los organismos, conduciendo a la diferenciación entre poblaciones y, eventualmente, a la especiación. Esta hipótesis fue planteada en un primer momento en relación a la cuenca del Río Amazonas, que incluye los ríos más grandes del Neotrópico. Evaluamos si el eje de los ríos Paraná-Paraguay en la cuenca Del Plata, la segunda en importancia en Sudamérica, actúa como una barrera para el flujo génico en algunas especies de aves. Evaluamos la diferenciación genómica en siete especies que tienen subespecies descritas a cada lado del eje de estos ríos. Sólo una de las especies mostró una diferenciación genética concordante con el curso actual de los ríos Paraná-Paraguay, mientras otras cinco mostraron una estructura poblacional con una separación este-oeste no concordante con la ubicación actual del eje de estos ríos, pero que coincide con su paleo-cauce, sugiriendo un posible rol en la estructura genética observada. La datación de los tiempos de divergencia muestra que los eventos que promovieron la diferenciación genética no fueron concordantes en el tiempo, indicando que el sistema de ríos no actuó como una barrera vicariante que haya afectado a todas las especies de la misma forma. Nuestros resultados apoyan la idea de que las respuestas a las barreras geográficas son especie-específicas y deben ser analizadas en el contexto de la historia geológica, las diferencias entre las ecorregiones, y las características particulares de la biología de cada especie.

FOROS

FOROS

Foro: FORRAJERAS MEGATÉRMICAS PARA EL NORTE ARGENTINO

Coordinador: Dr. Eric Martínez y Dra. Patricia Elda Novo. Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina.. E-mail: ejmartinez16@gmail.com / patriciaenovo@gmail.com

La producción de carne en la Argentina representa una actividad económica importante para el país. El avance de la agricultura en la región pampeana trasladó la producción de carne a regiones marginales menos productivas. El norte argentino ocupa el 30% de la superficie destinada a la producción de carne y el 25% del stock ganadero a nivel nacional. La producción de carne se realiza principalmente sobre pastizales naturales de baja productividad. La baja adopción de tecnología limita el crecimiento de la producción de carne. La implantación de pasturas cultivadas aumenta la receptividad y los índices de producción pecuaria. Las especies forrajeras megatérmicas poseen ventajas para su crecimiento y adaptación a los ambientes desfavorables del trópico y subtropico. Son especies de crecimiento primavera-estivo-otoñal adaptadas a temperaturas elevadas y altas concentraciones de dióxido de carbono atmosférico. También varias de ellas están adaptadas a condiciones de estrés salino y sequía. Este foro abordará sobre la importancia de las especies forrajeras megatérmicas para el norte de nuestro país, con énfasis en su biología reproductiva, genética, mejoramiento, ambientes de cultivo, manejo y producción de semillas.

DESARROLLO DE LÍNEAS DE *Acroceras macrum* Stapf (PASTO NILO) PARA EL NEA

Ferrari Usandizaga S.C. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Corrientes, El Sombrerito, Corrientes, Argentina. E-mail: ferrariusandizaga.s@inta.gob.ar

Acroceras macrum (Pasto Nilo) es una gramínea subtropical de origen africano, con anatomía foliar C_3 , mejor calidad nutricional que forrajeras C_4 y excelente adaptación a suelos húmedos y/o anegados. A pesar de su potencial para expandir e intensificar la ganadería en ambientes marginales, su difusión es limitada por no disponerse de semilla comercial. Sin embargo, es creciente el interés en la región NEA entre pequeños y medianos productores que la multiplican estableciendo semilleros de material vegetativo de excelente calidad a muy bajo costo. Si bien esto implica la implantación manual o con bajo grado de mecanización, los lotes logrados se pueden utilizar durante varias décadas sin pérdidas de calidad ni productividad. El INTA, con la colaboración del IBONE, ha realizado estudios que permitieron iniciar el mejoramiento de líneas introducidas del ARC de Sudáfrica. Se han realizado cruzamientos y en la colección obtenida se han estudiado características de interés incluyendo variables morfo-agronómicas, adaptación a periodos de humedad y sequía presentes periódicamente en el NEA, rendimiento y amplitud del ciclo productivo, productividad invernal y respuesta al uso intensivo mediante cortes. Fue posible identificar líneas promisorias para su uso en diferentes ambientes y condiciones con alto valor productivo y calidad, las cuales están próximas a ser inscriptas como cultivares de propagación vegetativa. En la actualidad también se están llevando a cabo esfuerzos en el mejoramiento para ofrecer en el futuro semilla comercial de Nilo.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE *Setaria sphacelata* (Schumach.) Stapf & C.E. Hubb. ex M.B. Moss

McLean G.D. EEA Mercedes-INTA, Argentina. E-mail: mclean.guillermo@inta.gob.ar

La utilización de pasturas cultivadas es cada día más necesaria debido a la intensificación de los sistemas de producción bovina en el subtrópico argentino. El incremento del número de animales vacunos en el nordeste argentino (NEA) ha hecho que se deba aumentar la oferta forrajera para mejorar la productividad y evitar la degradación del área en producción. Otros usos están relacionados con las rotaciones agrícolas, permitiendo la recuperación de la fertilidad y estructura del suelo. Una de las pasturas perennes más utilizadas en el NEA es *Setaria sphacelata* (Setaria). Esta especie es de origen africano y de crecimiento primavero-estival, se adapta a diferentes condiciones edafoclimáticas y produce entre 6.000 y 25.000 kg de materia seca por hectárea y por año con persistencias superiores a los 10 años. Presenta escasa tolerancia a las sequías y floración continua durante primavera y verano, generando pérdidas de la calidad forrajera y en la producción de semillas. El programa de mejoramiento genético de *Setaria* de la EEA INTA Mercedes tiene como objetivo el desarrollo de cultivares para diversos sistemas agrícolas y ganaderos. Comenzó en el 2009 con el proceso de colecta de germoplasma en diferentes ambientes del NEA y en pasturas con más de 14 años de utilización. Se continuó con la caracterización y evaluación del material recolectado junto con los cultivares comerciales y se procedió a seleccionar y cruzar genotipos destacados por la tolerancia a estreses abióticos, el crecimiento invernal, el rendimiento de forraje y aspectos relacionados a la producción de semillas.

FORRAJERAS SUBTROPICALES PARA EL NEA. MEJORAMIENTO GENÉTICO EN EL INTA EEA RAFAELA

Tomás M.A. IDICAL (INTA-CONICET), Santa Fe, Argentina. E-mail: tomas.maria@inta.gob.ar

Panicum coloratum es una gramínea forrajera de ciclo estival con potencial para desarrollarse en ambientes que sufren periodos con alternancia de sequías e inundaciones. De origen africano, fue introducida al país en los años 90. La especie tiene dos variedades, una de las cuales, la var. *makarikariense*, se adapta a suelos arcillosos y pesados. Esta especie produce entre 4.000 y 7.000 kg por ha de forraje de buena calidad. Sin embargo, uno de los principales problemas es la implantación, atribuida a la semilla pequeña que produce un embrión débil. En INTA se lleva adelante un programa de mejoramiento en esta especie. Hasta el momento se liberaron dos cultivares. El primero es el cv. Kapivera INTA, cuyo peso de semilla está incrementado frente al cultivar disponible en el mercado, cv. Bambatsi, de origen australiano. El embrión de Kapivera INTA es de mayor tamaño y es más vigoroso por lo que tiene más probabilidades de sobrevivir durante el establecimiento. El cultivar más recientemente liberado es Karai INTA, con incrementada tolerancia a la salinidad. En este foro se presentan datos sobre los ambientes propicios para este material, potencial productivo y técnicas de manejo para la implantación y producción.

Foro: PLANTAS NATIVAS DE INTERÉS ORNAMENTAL

Coordinadora: Dra. Evelin Kovalsky. FACENA-UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: E-mail: evelinkov@yahoo.com.ar

Es notable el acentuado interés por las plantas nativas en las últimas décadas y el crecimiento de demanda de cultivos en diferentes regiones del mundo. Sumado a ello, los efectos de la crisis climática amenazan fuertemente a los bosques nativos. Como consecuencia, las plantas nativas se están dando a conocer con más fuerza en diferentes áreas: políticas, técnicas, científicas; revalorizando su cuidado y recuperación.

En este sentido, el objetivo de este foro es dar a conocer diferentes trabajos realizados en el mejoramiento genético de especies nativas con potencial ornamental, así como nuevas iniciativas para su incorporación en la parquización de espacios públicos.

DESARROLLO DE GENOTIPOS CON POTENCIAL ORNAMENTAL SUPERIOR EN ESPECIES DE *Turnera* NATIVAS DEL NEA

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

El creciente interés por los cultivos sustentables, hace que la flora nativa presente un enorme potencial para su incorporación en el diseño de espacios verdes y el cultivo de flores de corte o plantas en maceta. El nordeste de Argentina (NEA) es una de las regiones más biodiversas con numerosas especies nativas con alto potencial ornamental. Entre ellas, diversas especies de *Turnera* L. (Passifloraceae, Turneroideae). Nuestro grupo de trabajo ha realizado numerosos estudios tendientes a comprender los mecanismos que generan variabilidad (morfológica y genética) en este género, en particular, en el complejo autoploiploide *Turnera sidoides* L. Hasta el momento, se evaluó la variabilidad existente en poblaciones naturales y se avanzó en la confección de un descriptor abarcando la amplia gama de variación de formas y colores de las hojas y las flores. Además, se evaluó la variabilidad de otros caracteres de interés ornamental como la estructura y fenología de las plantas. Luego, se seleccionaron individuos provenientes de poblaciones naturales con caracteres ornamentales más atractivos para el cultivo en maceta y se realizaron cruzamientos experimentales entre individuos con diferentes niveles de ploidía y entre diferentes subespecies para obtener nuevas combinaciones híbridas. De la progenie obtenida, se seleccionaron las plantas con una mayor cantidad de atributos ornamentales las que están siendo propagadas agámicamente, para evaluar posteriormente la homogeneidad y la estabilidad fenotípica de los clones y de ponerlos a prueba, antes de registrar los cultivares obtenidos.

LA SELECCIÓN EN EL MEJORAMIENTO DE PLANTAS ORNAMENTALES

Bugallo V.L. Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Floricultura, INTA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: bugallo@agro.uba.ar

Desde el inicio de la agricultura, se tomó la decisión de cultivar algunas plantas y descartar otras. Si bien el interés principal era el alimento, las flores y plantas han sido utilizadas para celebraciones y como expresiones de belleza y arte desde el pleistoceno. Hoy en día, la industria de las plantas ornamentales genera 55.000 millones de dólares anuales en el mundo y 220 millones cada año sólo en Argentina. En el Instituto de Floricultura (INTA), se trabaja en un proyecto con el objetivo de obtener variedades ornamentales a partir de germoplasma nativo. Hasta el momento, se han generado 23 variedades. Si bien los métodos de mejoramiento son cada vez más sofisticados, la

selección sigue siendo el paso fundamental. El objetivo de este trabajo fue identificar los criterios y métodos de selección en el mejoramiento de ornamentales. El primer paso, es determinar el uso que se le va a dar al cultivo. De esta manera, la selección de flores y follaje de corte involucra variables como largo de las varas, como en el caso de *Alstroemeria* spp.; mientras que en las plantas de interior se valora la arquitectura compacta en la maceta, como en *Seemaniania* spp. En variedades con fines paisajísticos, es importante la rusticidad, el volumen y los efectos de movimiento (p. ej. *Glandularia*). Las plantas funcionales poseen objetivos físicos y ecológicos: cobertura en paredes, cortinas y techos verdes (p. ej. *Portulaca*); aumento de la biodiversidad, etc. En todos los casos, se valora la novedad, la sanidad, las características particulares de cada mercado y, cada vez más, el bajo impacto ambiental de su producción.

POLIPLOIDIZACIÓN DE CÉLULAS SOMÁTICAS VEGETALES CON ÓXIDO NITROSO

Barba-Gonzalez R., E. Tapia-Campos, J.M. Rodríguez-Domínguez, S.C. Soria Arteaga, H.K. Vargas Merino. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco A.C., Colinas de la Normal, Guadalajara, Jalisco, México. E-mail: rbarba@ciatej.mx

Se estima que entre un 35 a 70% de las angiospermas son poliploides. La poliploidización es una herramienta potente en el mejoramiento genético; las plantas exhiben características como el incremento del rendimiento, heterosis, heterocigosis, restauración de la fertilidad y/o frutos sin semilla. En la poliploidización sexual, se utilizan gametos no-reducidos; la desventaja es que estos gametos son controlados genéticamente y su frecuencia está influenciada por el ambiente, su identificación es difícil y no siempre se encuentran disponibles. En la poliploidización somática se utilizan compuestos como la colchicina; la desventaja es que los compuestos deben entrar en contacto con las células en división y pocas son poliploidizadas. El óxido nitroso (N_2O) se utiliza para la inducción de gametos no-reducidos, actúa de manera similar a la colchicina, pero al ser un gas, penetra en todo el tejido cuando es sometido a presión. En este trabajo evaluamos el efecto del N_2O en la poliploidización de células somáticas en diferentes cultivos y tejidos: escamas de *Lilium* L., semillas de *Eustoma grandiflorum* (Raf.), y semillas y yemas axilares de *Tagetes erecta* L. Los explantes fueron sometidos a tratamientos con N_2O a 5 y 6 atm en una cámara de presión, durante 24, 48 y 72 h. En todos los casos se realizaron conteos cromosómicos en células de raíces de plantas regeneradas después de los tratamientos. Se detectó la presencia de células poliploides en todos los casos, confirmando así la utilidad del óxido nitroso para la inducción de poliploidía en células somáticas.

BIOTECNOLOGÍA APLICADA A LA PROPAGACIÓN, MEJORAMIENTO Y CONSERVACIÓN DE ORQUÍDEAS NATIVAS

Dolce N.R. Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: ndolce@gmail.com

Las orquídeas constituyen una de las familias botánicas más numerosas, siendo uno de los componentes más significativos de la biodiversidad en los trópicos y subtropicales. En Argentina, esta familia está representada por alrededor de 74 géneros y 280 especies, con una distribución que va desde Tierra del Fuego hasta Misiones y Jujuy. Se considera que las poblaciones naturales de orquídeas presentan serias amenazas de conservación debidas, principalmente, a dos presiones directas o indirectas ocasionadas por el hombre: a) pérdida o alteración de sus hábitats naturales debido a las diferentes actividades expansionistas de la población humana y b) sobre-colección y comercio de plantas silvestres con características ornamentales. Esta realidad puede observarse claramente en numerosas especies de orquídeas que habitan en nuestro país. Una de las acciones más deseables para salvaguardar

estas especies en peligro es desarrollar procedimientos que hagan posible su propagación masiva, lo que proveerá de material para la reinserción de ejemplares en sus hábitats naturales, el intercambio con otras entidades, el abastecimiento a comerciantes de orquídeas para evitar extracciones de la naturaleza y la disponibilidad de material para futuras investigaciones. Asimismo, es imperioso el desarrollo de sistemas que permitan la conservación *ex situ* de germoplasma de estas especies. La biotecnología se presenta como una herramienta de gran relevancia para el establecimiento de programas de propagación, mejoramiento y conservación de germoplasma a través del cultivo *in vitro* de tejidos vegetales.

NATIVAS SILVESTRES EN ESPACIOS VERDES PÚBLICOS

Stern M. Municipio de Corrientes, Corrientes, Argentina. E-mail: lebam1973@gmail.com

Dada la creciente pérdida de biodiversidad que afecta al planeta en general, y a la ciudad de Corrientes en particular, debido a la urbanización y antropización, se propone la instalación de especies nativas en espacios verdes públicos, como una herramienta de restauración ambiental, que promueva además la protección, conocimiento y valoración de la biodiversidad nativa. Esta iniciativa presenta una serie de ventajas debido a su adaptación al clima local, bajo costo de mantenimiento, fortalecimiento de redes e interacciones con otras especies nativas. Además, constituyen espacios que pueden ser utilizados con fines recreativos, culturales y educativos. Los espacios verdes públicos con nativas silvestres serán lugares “libres de corte” de bordeadoras, motoguadañas y cortadoras de césped, en donde se colocarán ejemplares de variadas especies y tamaños de plantas nativas: árboles, arbustos, hierbas, y enredaderas, de manera tal de conformar una pequeña réplica de un ambiente nativo silvestre. La principal ventaja de estos, es que conformarán mini ecosistemas autosustentables y autosuficientes, adaptados perfectamente a los suelos, condiciones climáticas y régimen de lluvias locales, y su crecimiento será controlado por la fauna nativa asociada que las consumen y dispersan. Además, no necesitarán riego, podas permanentes, ni uso de fertilizantes o agroquímicos. Asimismo, representarán pequeñas muestras de los ambientes silvestres nativos, constituyendo un refugio a la fauna nativa, y serán la mejor herramienta para mitigar los efectos del calentamiento global producido por el hombre y el cambio climático.

CA

CITOGENÉTICA
ANIMAL

ANIMAL
CYTOGENETICS



CA 1

COVARIACIÓN DEL NÚMERO DE CROSSOVERS POR NÚCLEO EN MACHOS Y HEMBRAS DE LA CODORNIZ DOMÉSTICA (*Coturnix japonica*)
Temminck & Schlegel

Martínez Larrea C., M.I. Pigozzi. INBIOMED – Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Buenos Aires – CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mpigozzi@fmed.uba.ar

El análisis de la frecuencia de los entrecruzamientos meióticos (*crossovers*, COs) en diferentes organismos sugiere que existe una covariación del número de eventos de recombinación entre los cromosomas dentro de un mismo núcleo meiótico. Esta variación puede ser analizada de manera directa mediante la visualización de marcadores citológicos del CO. A fin de determinar si esta covariación ocurre también entre las aves, analizamos el número de COs por bivalente dentro de núcleos individuales en ovocitos y espermatoцитos de la codorniz (*Coturnix japonica*), utilizando inmunofluorescencia indirecta para localizar la proteína MLH1 que marca los COs durante el paquitene. Del análisis de 268 núcleos meióticos surge que en las hembras hay una mayor dispersión del número de COs que en el macho. En ambos sexos, la comparación de los datos experimentales de COs con la distribución predicha si los COs se formaran de manera independiente en los cromosomas de un mismo núcleo, revela que el número de COs está correlacionado entre cromosomas dentro de un mismo núcleo. Como consecuencia de esta covariación siempre se formará una proporción de gametos con números particularmente altos o particularmente bajos de COs. Estos resultados son compatibles con la existencia de un programa meiótico común a diversos organismos y sugiere que la presencia de gametos con hiper-COs e hipo-COs podría conferir una ventaja adaptativa.

CA 2

CARACTERIZACIÓN DE BANDAS C DE POLIMORFISMOS ROBERTSONIANOS Y DE HETEROCROMATINA EN EL SALTAMONTES DEL CAMALOTE *Cornops aquaticum* (Leptysminae: Acrididae)

Colombo P.C.^{1,3}, M.J. Bressa^{2,3}; M.I. Remis^{1,3}. ¹Grupo de Genética de la Estructura Poblacional; ²Grupo de Citogenética de Insectos; ³Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, IEGEBA (CONICET-UBA), CABA, Argentina. E-mail: pablococolombo@gmail.com

El saltamontes del camalote, *Cornops aquaticum* (Bruner 1906) presenta clinas para tres polimorfismos Robertsonianos en el sur de su amplia distribución. Es semiacuático, neotropical y vive, se alimenta y ovipone exclusivamente en plantas flotantes de la familia Pontederiaceae, o camalotes, entre los 23° N (sur de México) y los 35° S (centro de Argentina y Uruguay). Dado que *Pontederia crassipes* (= *Eichhornia crassipes*) es una especie invasora, se consideró a estos saltamontes como un agente de control biológico. Ya describimos la asociación de los reordenamientos con variación fenotípica, orientación de los trivalentes, efectos sobre la recombinación y relación con la variabilidad de microsatélites. En este trabajo se describió la distribución de heterocromatina constitutiva en dos poblaciones de *C. aquaticum* para: i) proporcionar marcadores citológicos consistentes que permitan una mejor distinción entre los cromosomas fusionados, y ii) describir posibles polimorfismos para segmentos supernumerarios C-positivos, dado que, en análisis de tinción convencional, era frecuente encontrar bivalentes heteromórficos. Se hallaron bandas C propias de cada par, algunas de las cuales fueron polimórficas, y bandas polimórficas en bivalentes no fusionados. En el futuro planeamos extender geográficamente nuestro muestreo para descubrir posibles clinas de heterocromatina supernumeraria además de las Robertsonianas ya descritas.

CA 3

ESTUDIO CITOGÉNÉTICO DE CÉLULAS TUMORALES DE LA LÍNEA LM3

Galarza L.D.¹, R.H. Lucero², S. Bustillo¹. ¹Grupo de Investigaciones Biológicas y Moleculares (GIByM), IQUIBA-NEA, UNNE-CONICET, Corrientes, Argentina; ²Área de Citogenética, Instituto de Medicina Regional (IMR), UNNE, Chaco, Argentina. E-mail: laura.danigalarza@gmail.com

La inestabilidad cromosómica es un proceso habitual en células tumorales que conduce habitualmente a aneuploidía. En este trabajo, se analizó el cariotipo de la línea celular LM3 (tumor mamario murino). Brevemente, las células se mantuvieron en DMEM-SFB 5% a 37° C-5% CO₂. Al alcanzar la monocapa celular un 85-90% de confluencia, se adicionaron 250 µL de solución de colchicina (10 µg/mL) para detener el ciclo celular en metafase. Se incubó 2 h y luego se recolectaron las células utilizando Tripsina-EDTA 0,25%. Luego de centrifugar, el pellet celular se trató con 9 mL de solución hipotónica de KCl (0,075 M) y se incubó por 15 min a 37° C. Se adicionó solución fijadora (metanol-ácido acético 3:1) para efectuar lavados al pellet celular. Las células se extendieron, colocando dos gotas de suspensión celular en el centro de un portaobjetos limpio y se dejaron envejecer por 5 días a 37° C. Se colorearon los vidrios con solución de Giemsa al 4% durante 15 min. El preparado estándar obtenido se observó con aumento x10 para observar la presencia de metafases. En las metafases encontradas se contó el número de cromosomas y se visualizó su morfología en aumento x100, comparando los resultados con el cariotipo de células de ratón normales. Las metafases de la línea LM3 tenían un promedio de 70 ± 4 cromosomas representando una ganancia cromosómica respecto de las células normales ($2n=40$). Por otra parte, mediante bandeo C se determinó que todos los cromosomas tumorales observados eran acrocéntricos. Se pudo demostrar la presencia de aneuploidía (ganancia de material genético) en las células de esta línea. Futuros estudios permitirán profundizar sobre esta inestabilidad cromosómica.

CH

CITOGENÉTICA
HUMANA

HUMAN
CYTOGENETICS

CH 1

PRESENCIA DE UN CROMOSOMA DERIVADO der(12;14)(q10;q10) EN UN CLON DE LMA CON LA TRANSLOCACIÓN t(8;21)(q22;q22)

Galardi N., M. Echeverría, M.P. Giarini, A.A. Maringolo, A.M.G. Perozzi, R. Ferreras. Hospital Interzonal General de Agudos "Dr. Oscar E. Alende", Buenos Aires, Argentina. E-mail: nicogalardi@yahoo.com.ar

La Leucemia Mieloide Aguda (LMA) es una neoplasia hematológica que afecta la médula ósea, desplaza la hematopoyesis normal y genera insuficiencia medular. La translocación t(8;21)(q22;q22) se relaciona con un fenotipo de LMA con maduración (M2-FAB), que se encuentra dentro de las anomalías cromosómicas de buen pronóstico. El objetivo del trabajo fue reportar un caso de LMA con t(8;21) que además presentó un cromosoma derivado atípico para esta patología. La paciente ingresó para control hematológico (LMA M2 en 11/2019, actualmente en remisión), en el hemograma se observó pancitopenia y presencia de blastos. La citometría de flujo mostró 58% de blastos mieloides con maduración. El estudio citogenético mediante cultivo de médula ósea, con posterior bandeo G (GTW) mostró la t(8;21)(q22;q22), monosomía para los cromosomas 12 y 14, y la presencia de un derivado cromosómico formado por los brazos largos de ambos cromosomas. Mediante FISH se confirmó la t(8;21), se observó monosomía para *ETV6*(12p13) y *EN12*(12p11.1), y la presencia de ambos genes *IGH*(14q32). Cariotipo: 45,XX,t(8;21)(q22;q22),der(12;14)(q10;q10)[25]. nuc ish(*RUNX1*,*RUNX1T1*)x3(*RUNX1* con *RUNX1T1*x2)[180/200],(*D12S1307*x1)[164/200],(*ETV6*x1,*RUNX1*x3)[175/200],(*IGH*x2)[200]. Las técnicas de bandeo G y FISH brindan información relevante y complementaria para identificar estructuras cromosómicas atípicas como este derivado. El hallazgo de esta anomalía cromosómica sugiere que se trataría de una anomalía cromosómica secundaria a la t(8;21). La monosomía *ETV6*(12p13) podría relacionarse con la expansión del clon y la recaída.

CH 2

DIAGNÓSTICO CITOGÉNÉTICO DE ANEMIA DE FANCONI. EXPERIENCIA CON MITOMICINA C

Alú M.F., F. Minnini, L.C. Romero, G. Sciucatti, M.G. Obregón, E.M. Baialardo. Hospital de Pediatría Garrahan, Buenos Aires, Argentina. E-mail: fefe.alu@gmail.com

La Anemia de Fanconi (FA) es una condición genética que se caracteriza por falla de médula ósea y anomalías congénitas. El defecto se origina por mutaciones en la vía *FA/BCRA*. El diagnóstico citogenético se hace sometiendo la sangre del paciente a un clastógeno (diepoxibutano -DEB- o mitomicina C -MMC-) y se observa la presencia o ausencia de distintos efectos sobre los cromosomas tales como roturas en las cromátides o típicas figuras de intercambio cromosómico. El "gold standard" es el diagnóstico con el DEB. Sin embargo, se reconoce a la MMC como un agente de utilidad para este diagnóstico. El objetivo del trabajo fue evaluar si una concentración de MMC en pacientes pediátricos con sospecha de FA resulta útil como alternativa al DEB. Entre mayo 2019 y diciembre 2021, 100 niños sospechosos de FA y 22 controles (mediana de edad: 6 años) concurren al laboratorio de Citogenética para evaluación de Inestabilidad Cromosómica (IC) aplicando paralelamente los clastógenos DEB a 0,1 µg/ml y MMC a 50 ng/ml. Los pacientes se separaron en tres grupos: NO FA, FA y CONTROL. Se compararon los resultados de la prueba de IC (% de células aberrantes y roturas por células) para cada clastógeno respectivamente. Se obtuvieron metafases en el 81% de los test, en el 19% restante no había células en división, la mayoría correspondían a cultivos tratados con MMC. Los siete pacientes MMC (+) fueron además DEB (+) y pertenecían al grupo FA. Ningún cultivo DEB (-), resultó ser MMC (+). Este estudio concluye que MMC puede ser una buena alternativa al test de DEB en el diagnóstico de FA.

CH 3

APLICACIÓN DE TÉCNICAS CITOGENÉTICAS CLÁSICAS Y MOLECULARES PARA LA CARACTERIZACIÓN DE UN CROMOSOMA MARCADOR SUPERNUMERARIO

Rivara Ronchi J.R., E. Bes, A. Goussies, K. Zaracho, F. Oviedo, L. Franzi, F. Guerrisi, M.E. Mollica, E. Torchinsky, L. Fasan. Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS, Dr. Carlos G. Malbrán, Buenos Aires, Argentina. E-mail: juanpablorivara@gmail.com

Un cromosoma marcador supernumerario (CMS) es un pequeño fragmento cromosómico céntrico, cuyo origen no puede ser explicado por bandeo G. Su significado clínico dependerá del cromosoma involucrado, su contenido génico, si está o no marcado ("imprinted"), el origen parental y si está presente en línea pura o en mosaico. La incidencia en la población varía de 0,14 a 0,72 por cada 1.000 nacidos vivos, y el 60% de los casos son *de novo*. Los más frecuentes son pequeños y derivados de cromosoma 15 o del 22. En este trabajo se describe la caracterización citogenética y citomolecular de un cromosoma marcador y su correlación con el fenotipo. El caso es de un paciente pediátrico, de tres años de edad, con hipotonía axial global, con pobre sostén cefálico, retraso de pautas madurativas, dificultad en el habla, microcefalia, micro retrognatia, filtrum amplio, labios finos, orejas de implantación baja y rotadas, algunas máculas hipocrómicas. Se realizó cariotipo en linfocitos de sangre periférica con 45 bandas G, y se observó la presencia de un CMS en línea pura: 47,XY,+mar[25]. Los cariotipos parentales no presentaron anomalías cromosómicas. Para caracterizar al marcador se realizaron técnicas citogenéticas complementarias y técnicas citomoleculares resultando ser un pseudocéntrico de 15 y el cariotipo fue 47,XY,+psu dic(15;15)(q12;q12) [20].ish pseudic(15;15) (D15Z1++,LS15q11.2UBE3A++). El fenotipo y genotipo del paciente concuerdan con el Síndrome de duplicación 15q11.2, dando una tetrasomía parcial 15q11.2 presente en un 80% de los casos de CMS del 15 de origen materno.

CH 4

CARACTERIZACIÓN DE UN COMPLEJO REARREGLO ESTRUCTURAL ENTRE LOS CROMOSOMAS 2 Y 9 POR TÉCNICAS DE CITOGENÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR EN PACIENTE CON INFERTILIDAD PRIMARIA

Bes E, Rivara Ronchi, J., K. Zaracho, F. Oviedo, L. Franzi, F. Guerrisi, M.E. Mollica, R. Cerretini. Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS, Dr. Carlos G Malbrán, Buenos Aires, Argentina. E-mail: bes.elisangela@gmail.com

Los estudios citogenéticos y citomoleculares constituyen importantes herramientas para la identificación de anomalías cromosómicas involucradas en los trastornos de fertilidad. El cariotipo en sangre periférica es la primera línea de estudio para detectar rearrreglos cromosómicos en la pareja infértil. En este trabajo se presenta a una paciente de 36 años que concurre a la consulta por infertilidad primaria de tres años de evolución. Todas las causas hormonales, inmunológicas y de infertilidad masculina habían sido descartadas al momento de la entrevista. A partir de un cultivo de linfocitos de sangre periférica, se obtuvieron células en metafase y mediante bandeo GTW se identificó una línea celular con dos rearrreglos estructurales balanceados que involucraron a los cromosomas 2 y 9: una inversión pericéntrica del cromosoma 2 y una translocación entre el mismo homólogo del cromosoma 2 con la inversión y el brazo corto del cromosoma 9. La combinación de estos eventos es muy poco frecuente. Los estudios citomoleculares con sondas subteloméricas de 2 y 9 permitieron arribar al diagnóstico citogenético: 46,XX,der(2)inv(2)(p25q12)t(2;9)(q12;p13),der(9)t(2;9)(q12;p13)[30].ish der(2)(p25+,q37-;p24+,q34-) [10]. Los cariotipos parentales fueron normales, por lo que las anomalías cromosómicas observadas eran *de novo* o producto de un mosaicismo germinal en alguno de los progenitores. Las mismas generarían ovocitos genéticamente con grandes desbalances producto de una segregación anómala y/o cromosoma recombinante que explicarían la causa de la infertilidad primaria.

CH 5

GENOTOXICIDAD EN CÉLULAS EPITELIALES DE LA BOCA DE MUJERES ARGENTINAS. PRIMERA APROXIMACIÓN

Salinero M.C., D.E. Aiassa. Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, UNRC, Córdoba, Argentina. E-mail: celesaliner@gmail.com

Diversos reportes indican un aumento de daño en el material genético de células de la boca de pacientes mujeres con cáncer de mama, cervicouterino o infertilidad idiopática. La(s) exposición(es) ambientales genotóxicas durante la vida intrauterina y la infancia pueden volverse crónicas y eventualmente desempeñar un papel relevante en la etiología de cánceres y/o infertilidad. Una limitación principal del estudio genotóxico, desde la perspectiva de la aplicación clínica, es la ausencia de valores de control/referencia. Las estimaciones de la frecuencia espontánea de daño genotóxico es un requisito previo en la planificación de investigaciones epidemiológicas de personas expuestas a niveles bajos de tóxicos ambientales y en la aplicación clínica del biomarcador que se utilice. En este contexto se estudiaron estilo de vida y daño genotóxico (ensayo de micronúcleos- MN), en células del epitelio de la boca, de 50 mujeres que se consideraban sanas. Edad 32 ± 7 (media \pm error estándar). El daño encontrado para el rango de 21-29 años fue de $0,89 \pm 1,18$ MN‰, $3,22 \pm 2,21$ células binucleadas (CB‰) y $0,50 \pm 0,79$ células con cromatina condensada (CC‰); para 30-36 años: $0,45 \pm 0,60$ MN‰, $3,75 \pm 1,62$ CB‰, $0,15 \pm 0,37$ CC‰; para 37-44 años: $0,67 \pm 0,87$ MN‰, $2,78 \pm 1,20$ CB‰, $0,22 \pm 1,44$ CC‰ y para +45 años: $1,00 \pm 1,00$ MN‰, $5,00 \pm 4,36$ CB‰. Aumenta el daño genotóxico en relación a la edad y existen otros factores de confusión, además de los ya conocidos. Se definen condiciones preliminares de aplicabilidad del ensayo para utilizarlo en la prevención y detección temprana de cáncer e infertilidad en mujeres argentinas.

CV

**CITOGENÉTICA
VEGETAL**

PLANT
CYTOGENETICS



CV 1

SILENCIAMIENTO DE REGIONES NOR EN HEXAPLOIDES DE *Andropogon* L. (POACEAE) REVELADAS POR FISH

Hidalgo M.I., E.J. Greizerstein, G.A. Norrmann. Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: mapyhidalgo@hotmail.com

A fin de inferir los procesos de diferenciación genómica ocurridos durante la estabilización de los alopoliploides del género *Andropogon*: *A. barretoii* Norrmann & Quarin ($2n=6x=60$), *A. exaratus* Hackel ($2n=6x=60$), *A. glaucophyllus* Roseng., B.R. Arrill. & Izag. ($2n=6x=60$) y *A. gerardii* Vitman ($2n=6x=60$), en este trabajo se extendieron los análisis citogenéticos aplicando la técnica de Hibridación *In Situ* Fluorescente (FISH). La sonda ADN ribosomal utilizada, se corresponde con las secuencias de ADN_r pudiendo detectar, además, otras regiones que podrían estar silenciadas o no expresarse, como organizadores nucleolares. Las preparaciones de cromosomas mitóticos se obtuvieron a partir de células meristemáticas de ápices radiculares tratadas en una digestión enzimática (celulasa-pectinasa v/v) en buffer citrato pH 4,8 a 37° C. Se eliminó el cubreobjeto por congelamiento y se conservaron 5° C. Se aplicó la técnica de FISH para revelar el número y localización de los sitios de ADN_r, aislándose una secuencia 45S de *Triticum aestivum* homóloga a la de las especies a analizar. La sonda se marcó con biotina y se detectó con Cy3 (red). Las células se fotografiaron por medio de un microscopio de fluorescencia asistido con cámara digital. En *A. barretoii*, *A. exaratus*, *A. glaucophyllus* y *A. gerardii*; se detectaron dos loci de ADN_r 45S. Estos resultados podrían estar indicando que, por un proceso de anfiplastia, con mecanismo epigenético de metilación, se silenciaron los organizadores nucleolares de una de las dos especies involucradas en la formación del poliploide; al no ser funcionales esas secuencias pudieron perderse no siendo detectadas. El empleo de la técnica de FISH, permitió, por primera vez, el mapeo físico de las regiones de ADN_r 45S en estos hexaploides evidenciando cambios cromosómicos estructurales que podrían haber participado o acompañado la evolución de estos poliploides.

CV 2

NÚMEROS CROMOSÓMICOS DE ACCESIONES DE *Paspalum* L. DEL GRUPO NOTATA

Escobar L.M.¹, A.V. Reutemann², M.C. Perichon¹, J.R. Daviña¹, J.F.M. Valls³, E.J. Martínez², A.I. Honfi¹. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN- (UNaM), Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ³EMBRAPA/CENARGEN, Brasilia, Brasil. E-mail: lucasmescobar17@gmail.com

El grupo Notata de *Paspalum* reúne alrededor de 24 especies americanas afines a *P. notatum* Flügge, con número básico $x=10$, y números cromosómicos somáticos desde $2n=20$ hasta $2n=80$. Algunas especies son monoploides y otras multiploides. El objetivo fue determinar el número cromosómico somático y el nivel de ploidía de ocho especies, 20 accesiones y 50 individuos del grupo Notata, provenientes de Argentina, Paraguay y Brasil. Los recuentos cromosómicos fueron realizados a partir de raicillas en crecimiento pretratadas con solución saturada de 1-bromonaftaleno y utilizando tinción convencional de Feulgen. El nivel de ploidía de individuos pertenecientes a una misma especie fue determinado mediante la estimación del contenido relativo de ADN por citometría de flujo con un estándar conocido. Cuatro accesiones de *P. pumilum* Nees resultaron diploides ($2n=2x=20$) y cuatro accesiones de *P. cromyrorhizon* Trinius tetraploides ($2n=4x=40$). Cinco accesiones de *P. ionanthum* Chase provenientes de Argentina, Paraguay y Brasil fueron tetraploides ($2n=4x=40$); mientras otras dos de Brasil de la misma especie fueron octoploides ($2n=8x=80$). También se registró una accesión diploide ($2n=2x=20$) de *P. nummularium* Chase, una triploide ($2n=3x=30$) de *P. subciliatum* Chase, una pentaploide ($2n=5x=50$) de *P. aff. notata*, una hexaploide ($2n=6x=60$) de *P. ellipticum* Döll y una octoploide ($2n=8x=80$) de *P. lineare* Trin., todas de Brasil. Estos resultados son congruentes con el hecho de que alrededor del 75,6% de las especies de *Paspalum* son poliploides.

CV 3

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN DEL TAMAÑO DEL GENOMA EN LA EVOLUCIÓN DEL GÉNERO *Arachis* L. (LEGUMINOSAE)

Ortiz A.M., L. Chalup, M.C. Silvestri, S.S. Samoluk, J.G. Seijo, G.I. Lavia. Instituto de Botánica de Nordeste (IBONE), Corrientes, Argentina. E-mail: ortizalejandr@gmail.com

El tamaño del genoma (TG) es un carácter clave en la biodiversidad, siendo útil en un contexto filogenético y en el análisis de los mecanismos involucrados en la evolución cromosómica. Dentro del género *Arachis* L., el cual presenta 83 especies sudamericanas, las estimaciones del contenido de ADN están delimitadas a un grupo particular de especies. Por tal motivo, se realizó la medición del contenido de ADN nuclear por citometría de flujo en especies representativas de las nueve secciones del género, y se analizó su variación en un contexto filogenético a fin de inferir los patrones de la evolución del TG en *Arachis*. Asimismo, se investigaron las asociaciones entre TG y variables cariotípicas, biológicas, geográficas y bioclimáticas a través de métodos estadísticos clásicos y filogenéticos comparativos (PGLS). El tamaño del genoma monoploide (Cx) varió entre 0,51 y 1,98 pg dentro del género. El mapeo del carácter Cx sobre el árbol filogenético basado en secuencias nucleares (ITS ADNr) permitió inferir el TG ancestral de 0,92 pg para el género y evidenció patrones evolutivos de reducción, expansión y relativa estasis del TG, siendo las especies diploides de las secciones *Extranervosae*, *Heteranthae* y *Triseminatae* las que presentan los menores tamaños. Los análisis estadísticos clásicos y PGLS mostraron asociaciones significativas entre Cx y algunas variables cariotípicas, geográficas y bioclimáticas. A partir de los datos obtenidos se discuten probables modelos de evolución del TG en el género *Arachis*.

CV 4

ESTUDIO CITOGENÉTICO Y CORRELATOS FENOTÍPICOS EN DOS POBLACIONES DE "PEPERINA DE LAS LOMAS" (*Hedeoma multiflora* Benth., LAMIACEAE)

Peralta P.A., E.J. Greizerstein, V.L. Bugallo. Instituto de Recursos Biológicos – INTA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: peralta.patricia@inta.gob.ar

El género *Hedeoma* cuenta con 38 especies, cuatro de ellas son nativas de Argentina. *Hedeoma multiflora* Benth. es una planta de gran importancia por sus propiedades medicinales y aromáticas. En el marco de un plan de mejoramiento, se estudiaron dos poblaciones aisladas entre sí, una de la provincia de La Pampa (LP) y otra de San Luis (SL). Los individuos fueron cultivados en invernáculo bajo condiciones controladas. Se realizaron recuentos cromosómicos y se analizaron caracteres fenotípicos en, por lo menos, quince individuos de cada población. Los individuos analizados presentaron número somático $2n=72$, corroborando los reportados. Los genotipos evaluados no evidenciaron diferencias en el poder germinativo, ni en los índices mitótico ni de fases. Por otro lado, se observaron diferencias en la longitud ($15,10 \pm 0,98$ y $9,86 \pm 1,34 \mu$) y ancho estomático ($4,46 \pm 0,42$ y $2,99 \pm 0,37 \mu$), en el diámetro de las glándulas contenedoras de aceite esencial ($48,03 \pm 3,63$ y $21,16 \pm 6,28 \mu$), el ancho ($4,43 \pm 0,42$ y $2,99 \pm 0,37$ mm) y área foliar ($49,14 \pm 6,77$ y $21,47 \pm 4,14$ mm), relación entrenudo/longitud de tallo ($0,84 \pm 0,08$ y $0,60 \pm 0,11$) y ancho del fruto ($1,45 \pm 0,01$ y $1,37 \pm 0,15$ mm), para las poblaciones SL y LP, respectivamente. Los datos recopilados en este trabajo serán de gran utilidad en el plan de mejoramiento.

CV 5

ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO EN ESPECIES ARGENTINAS DE *Lobivia* (CACTACEAE)

Montenegro G., M.L. Las Peñas. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), UNC-CONICET, Córdoba, Argentina.
E-mail: gonzalomontenegro13@gmail.com

Lobivia Britton *et* Rose es un género, actualmente incluido dentro de *Echinopsis* Zucc, taxonómicamente problemático y que se encuentra en revisión. Los análisis citogenéticos de los taxones del grupo son pocos. En este trabajo se analizaron citogenéticamente 15 taxones argentinos de *Lobivia*, con el objeto de caracterizarlos cromosómicamente y contribuir a esclarecer sus relaciones intragenéricas. Todas las especies analizadas resultaron diploides con $2n=2x=22$, con cromosomas pequeños y simétricos (11m). Sólo *L. pugionacantha* presentó un cromosoma submetacéntrico (10m + 1sm). Mediante el Bando Cromosómico Fluorescente CMA/DAPI se determinó la presencia de heterocromatina constitutiva asociada a regiones organizadoras nucleolares (NORs), las cuales se encontraron siempre en el primer par metacéntrico, con excepción de *L. jajoiana* var. *glauca* en la cual se ubicó en el segundo par m. A través de la técnica de Hibridación *in situ* Fluorescente (FISH), se observó que el patrón de distribución de los genes ribosómicos 18-5,8-26S se encontró asociado con las bandas CMA+/DAPI- asociadas a NORs. Además, en *L. schreiteri* var. *riolarensis* se detectó también hibridación de la sonda 18-5,8-26S en la región pericentromérica de un par cromosómico. Los sitios del gen 5S se encontraron en uno o dos pares, siempre en un cromosoma diferente al portador del locus 18-5,8-26S. Los datos citogenéticos son novedosos y en combinación permitieron detectar leves diferencias entre los taxones estudiados, pudiendo contribuir a estudios sistemáticos del grupo.

FG

FARMACOGENÉTICA

PHARMACOGENETICS

FG 1

NAT2 AND CYP2E1 POLYMORPHISMS AND ANTITUBERCULOSIS DRUG-INDUCED HEPATOTOXICITY IN PERUVIAN PATIENTS

Jaramillo Valverde L.J.¹, K. Levano², D. Tarazona², S. Capristano², R. Zegarra-Chapoñan², C. Sánchez², V. Yufra-Picardo³, E. Tarazona-Santos⁴, C. Ugarte-Gil⁵, H. Guio Chunga². ¹School of Medicine, Universidad Continental, Huancayo, Perú; ²Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú; ³Innóvate Perú, Ministerio de la Producción, Lima, Perú; ⁴Departamento de Genética, Ecología e Evolução, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brazil; ⁵Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú. E-mail: luisjaramillovalverde@gmail.com

In Peru, 32,970 people were diagnosed with Tuberculosis (TB) in 2019. Although TB treatment is effective, 3.4-13% is associated with significant adverse drug reactions (ADR), considering drug induced liver injury (DILI) as the most prevalent. Among the first-line anti-TB drugs, isoniazid (INH) is primarily responsible for the occurrence of DILI. INH is metabolized in the liver by the enzymes N-acetyltransferase-2 (NAT2) and cytochrome P450 2E1 (CYP2E1). Based on previous studies, we hypothesized that the interactions between slow CYP2E1 genotype and NAT2 slow acetylators will induce DILI in TB patients. In this cross-sectional study from 377 participants that completed their anti-TB treatment, we genotyped SNPs: rs1041983, rs1801280, rs1799929, rs1799930, rs1208 and rs1799931 for NAT2; rs3813867 and rs2031920 for CYP2E1. We found that rapid, intermediate, and slow NAT2 acetylators were present in 15%, 38% and 47% respectively of the general population. Intermediate NAT2 acetylators were the least prevalent among patients with adverse reactions ($p=0.024$). We did not confirm our hypothesis, however we found that the combination of intermediate NAT2 acetylators and CYP2E1 c1/c1 genotype significantly protected ($OR=0.16$; $p=0.049$) against the development of DILI in our population. We propose that presence of NAT2 intermediate and CYP2E1 c1/c1 genotype could help in therapeutic drug monitoring, optimize its therapeutic benefits, while minimizing its risk for side effects or toxicity.

FG 2

ANÁLISIS FARMACOGENÉTICO DE LAS VARIANTES RS4680 Y RS4633 DEL GEN COMT EN PACIENTES ARGENTINOS CON DOLOR

Fontecha M.B.¹, M.M. Abelleyro¹, E.A. Fontanini¹, M.R. Anadón¹, C.D. De Brasil², M.V. Sivanto³, A.F. Fundia¹. ¹Instituto de Medicina Experimental (IMEX), CONICET-Academia Nacional de Medicina (ANM), Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Hematológicas Mariano R Castex (IIHEMA), ANM, Buenos Aires, Argentina; ³Instituto Argentino de Diagnóstico y Tratamiento (IADT), CABA, Argentina. E-mail: mbfontecha@gmail.com

Las variantes del gen de la catecol-metiltransferasa (COMT) actúan como reguladores de las vías de señalización del dolor y están asociadas con las diferencias individuales en la sensibilidad al dolor y la eficacia de los opioides. El objetivo del trabajo fue genotipificar las variantes de nucleótido único (SNVs) rs4680 G>A y rs4633 C>T del gen COMT para evaluar su impacto en la sensibilidad al dolor y la respuesta analgésica en pacientes con dolor. Se estudiaron 101 pacientes tratados con tramadol o codeína (39 mujeres; edad mediana: 45 años; rango: 19-88 años) incluyendo 26 con dolor crónico y 75 con dolor agudo. Se emplearon técnicas de PCR alelo-específica para estudiar las SNVs. El análisis estadístico se realizó por el test de Fisher, con significación $p<0,05$. Las frecuencias genotípicas de los pacientes para el rs4680 fueron: GG (0,15), GA (0,56) y AA (0,29) y para el rs4633: CC (0,33), CT (0,5) y TT (0,17). Se determinó que la frecuencia del alelo alternativo rs4680-A de nuestra serie difiere respecto de lo reportado en la base de datos gnomAD para las poblaciones americanas, asiáticas y africanas ($p<0,0007$) mientras que rs4633-T difiere respecto de las europeas y africanas ($p<0,006$). Antes del tratamiento, se evaluó la relación entre las SNVs y el grado de dolor en reposo y en movimiento, no observando una asociación significativa. Tampoco se encontraron diferencias entre estos genotipos con la respuesta terapéutica. Estos resultados sustentan la existencia/presencia de? variabilidad poblacional de las SNVs de COMT e indican que estas variantes no influyen en la sensibilidad ni la analgesia del dolor.

FG 3

EFECTO DE VARIANTES DEL GEN *CDKN1A* SOBRE LA RESPUESTA TERAPÉUTICA EN LEUCEMIA MIELOIDE CRÓNICA

Anadón M.R.¹, V. Mercado Guzmán¹, M.B. Fontecha¹, B. Moiraghi², R. Bengió³, I. Larripa⁴, A.F. Fundia¹. ¹Instituto de Medicina Experimental (IMEX), CONICET-Academia Nacional de Medicina (ANM), Buenos Aires, Argentina; ²Servicio de Hematología, Hospital Ramos Mejía, Buenos Aires, Argentina; ³División Clínica Hematológica, IHEMA, ANM, Buenos Aires, Argentina; ⁴Laboratorio de Genética Hematológica, IMEX, CONICET-ANM, Buenos Aires, Argentina. E-mail: rochianadon@gmail.com

El gen *CDKN1A*, comúnmente denominado p21, codifica un inhibidor de quinasas dependiente de ciclina que interviene en el control del ciclo celular, inducción de apoptosis e inhibición de la proliferación celular. *CDKN1A* tiene variantes de nucleótido único (SNVs) asociadas al riesgo y al pronóstico en cáncer, pero su rol todavía no se conoce en leucemia mieloide crónica (LMC). El objetivo de este trabajo fue evaluar la contribución de las SNVs *CDKN1A* rs1801270 C>A y rs1059234 C>T en la respuesta terapéutica de pacientes con LMC tratados con inhibidores de tirosina quinasa (ITKs). Se estudiaron 151 pacientes (61 mujeres; edad mediana: 47 años; rango: 18-85 años) incluyendo 88 respondedores y 63 no respondedores a los ITKs. Se emplearon dos PCR-RFLP con las enzimas Pst1 para rs1059234 y Bpu1 para rs1801270. El análisis estadístico se realizó mediante el test de Fisher, con significación $p < 0,05$. Las frecuencias genotípicas de rs1059234 fueron: CC (0,55), CT (0,37) y TT (0,09) y las de rs1801270 fueron: CC (0,61), CA (0,35) y AA (0,04). Los pacientes con genotipo rs1801270-CC se asociaron con una respuesta terapéutica deficiente por lo que necesitaron aumento de dosis o cambio de ITK ($p < 0,011$). Mientras que con la variante rs1059234 no se encontraron diferencias significativas en las distintas comparaciones con diferentes parámetros clínicos. Estos resultados indican que el genotipo *CDKN1A* rs1801270-CC podría considerarse como un marcador pronóstico de riesgo potencialmente útil para optimizar la estrategia terapéutica en base al perfil genético individual.

GMO

GENÉTICA DE MICROORGANISMOS

GENETICS OF MICROORGANISMS



GMO 1

IDENTIFICACIÓN DEL MICROBIOMA EN MUESTRAS DE ESPUTO EN PACIENTES CON CUADROS CLÍNICOS DE TUBERCULOSIS, POR NGS (SECUENCIAMIENTO DE NUEVA GENERACIÓN)

Del Carpio Sanz A.O., C.R. Revilla Mogovejo, L.F. Luna Paredes, K. Tito Velásquez, R. Cáceres, T. Chávez, L. Lizarraga, V. Torres, H. Rojas, A. Gallegos. Universidad Nacional San Agustín de Arequipa, Arequipa, Perú. E-mail: adelcarpios@unsa.edu.pe

La tuberculosis es un problema de salud pública, la infección con *Mycobacterium tuberculosis*, provoca disbiosis de la microbiota, condición que no solo influye en la latencia de *M. tuberculosis* y la manifestación de la enfermedad sino que también sería determinante de su progresión. Las nuevas técnicas de secuenciamiento masivo (NGS) permiten identificar al microbioma que acompaña al ser humano en condiciones de salud, el que puede variar asociado a la tuberculosis. En el presente estudio se identificó el microbioma en muestras de pacientes con diagnóstico clínico de tuberculosis, se recolectaron muestras de esputo en dos hospitales de Arequipa: 20 sin tratamiento (1), 6 con tratamiento (2), 2 Multidrogo – Resistentes (3) y 8 sin tuberculosis (4). Para identificar *M. tuberculosis* se utilizaron métodos convencionales y moleculares. La identificación del microbioma se llevó a cabo mediante el Secuenciamiento Illumina MiSeq, usando cebadores específicos que se dirigen a la región V4 del gen 16S rRNA. Se encontraron los siguientes filos: Pacientes (4): Firmicutes, Proteobacteria, Fusobacteria y Actinobacteria; Pacientes (1) Proteobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes y actinobacterias; Pacientes (2): Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes y Proteobacteria; Pacientes (3): Proteobacteria, Actinobacterias, Bacteroidetes, Firmicutes y Actinobacterias. Se evidencia variación a nivel de filo y género en los diferentes grupos de estudio, reflejada en la diversidad y cantidad del microbioma.

GMO 2

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD NUCLEOTÍDICA DE PROTEÍNAS NO ESTRUCTURALES DE ROTAVIRUS GRUPO A

Gómez Quintero E.L., K.A. Salvatierra, S.O. Miño. Laboratorio de Biología Molecular Aplicada (LaBiMAP), FCEQyN, UNaM, Misiones, Argentina. E-mail: elgq_11@hotmail.com.ar

En 2008, se implementó un sistema de clasificación basado en el genoma completo de Rotavirus grupo A. El mismo asigna un genotipo a cada uno de los once segmentos génicos de una cepa particular de acuerdo a valores de similitud genética (valor de corte), siendo, para el número de genotipos de proteínas no estructurales (NSP), 79% para NSP1, 85% para NSP2, NSP3 y NSP4, y 91% para NSP5. Desde su implementación, el NSP ha aumentado sustancialmente: NSP1 (14 a 31), NSP2 (5 a 22), NSP3 (7 a 22), NSP4 (11 a 27) y NSP5/6 (6 a 22). Por tanto, el objetivo del trabajo fue analizar la variabilidad genética de los genes NSP y corroborar si los valores de corte establecidos originalmente siguen vigentes. Las secuencias nucleotídicas se obtuvieron desde *GenBank*. Se realizaron alineamientos múltiples, calcularon matrices de distancias genéticas y construyeron árboles filogenéticos de máxima verosimilitud. Se observó que el 23% (7/31), 23% (5/22), 37% (8/22), 26% (7/27) y 23% (5/22) de los genotipos NSP1, NSP2, NSP3, NSP4 y NSP5, respectivamente, poseían cepas que según los valores de corte no se ajustaban al genotipo determinado (conflictos). Para todos los genes NSP, incluir la filogenia, contribuye a resolver la clasificación de las cepas con conflictos. Una optimización de los valores de corte de 85 a 82% para NSP2, NSP3 y NSP4, y de 91 a 87% para NSP5, mejora la clasificación de cepas con conflictos. Este trabajo destaca la importancia de analizar periódicamente el sistema de clasificación y la necesidad de mantener el trabajo continuo con el *Rotavirus Classification Working Group*.

GMO 3

PERFILES GENÉTICOS DE VIRULENCIA EN AISLAMIENTOS SIMPÁTRICOS DE *Streptococcus agalactiae* Lehmann and Neumann OBTENIDOS DE SERES HUMANOS Y DE BOVINOS

Hernández L., J.S. Cadona, E. Bottini, C. Cacciato, C. Monteavaro, F. Traverso, S. Altamiranda, A.V. Bustamante, A.M. Sanso. Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología, CIVETAN, FCV-UNCPBA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: lbhernandez@vet.unicen.edu.ar

Streptococcus agalactiae es un patógeno asociado a mastitis bovina. En el hombre, puede causar enfermedades severas en adultos mayores o inmunodeprimidos y la colonización en mujeres embarazadas es la principal causa de infección neonatal. El análisis comparativo de cepas de distintos orígenes genera gran interés debido a la posibilidad de transmisión interespecífica. La patogenia está relacionada a varios factores de virulencia, el polisacárido capsular que permite la clasificación en 10 serotipos, islas de *pilus* que median la adhesión y otros, relacionados con la colonización y evasión del sistema inmune. Nuestro objetivo fue comparar aislamientos simpátricos de *S. agalactiae* que circulan entre el ganado y el hombre. Se analizaron 149 aislamientos humanos (colonizadores e infectivos) y 65 de vacas con mastitis obtenidos en la región pampeana, entre 2016 y 2021. La serotipificación y detección de 12 genes de virulencia se realizó por PCR. Entre los aislamientos humanos se destacan los serotipos Ia (36%), III (31%) y Ib (19%); entre los bovinos, III (51%), II (35%) y Ia (8%). Los genes de virulencia *bac*, *scpB* y *lmb* no se detectaron en aislamientos bovinos mientras que *lmb*, *bca*, *rib* y *spb1* presentaron diferentes frecuencias en ambos grupos. La tipificación de *pilus* mostró que PI-1 y PI-2a estuvieron sólo en las cepas humanas mientras que PI-2b se detectó en ambos grupos. El análisis de agrupamiento reveló 51 perfiles de virulencia no compartidos entre cepas de ambos orígenes. Este análisis proporciona evidencia de la coexistencia de dos subpoblaciones de *S. agalactiae*.

GMO 4

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE *Escherichia coli* ENTEROTOXIGÉNICA EN NIÑOS CON DIARREA ATENDIDOS EN DOS HOSPITALES DE BUENOS AIRES, ARGENTINA

Molina N.B., S. Oderiz, C. Vescina, M. Cordoba, J. Basualdo, M. Sparo. Universidad Nacional de la Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: nbmolina@med.unlp.edu.ar

Escherichia coli enterotoxigénica (ETEC) es un agente etiológico de diarrea frecuente en niños de países en desarrollo. Este patotipo o variante patogénica se caracteriza por la producción de la toxina termolábil (LT) y/o la toxina termoestable (ST) con sus variantes (STP y STH). El diagnóstico etiológico de la infección con ETEC depende de la detección molecular de los genes de las toxinas. Sin embargo, en Argentina, la presencia de ETEC no se investiga de manera sistemática en casos de diarrea. El objetivo fue estimar la frecuencia de infección de ETEC en niños con diarrea, atendidos en hospitales de Tandil y La Plata, Argentina, durante 2016-2018. El diseño fue observacional, descriptivo, prospectivo y de corte transversal. El protocolo fue aprobado por Comité de Bioética, UNLP. La presencia de ETEC se investigó mediante la amplificación molecular de genes de toxinas (Molina *et al.*, 2022). Las cepas control fueron *E. coli* KNH-172 (LT y STP) y *E. coli* O126-53 (STH). Se estudiaron 601 niños con diarrea. La edad promedio fue tres años y cinco meses. La frecuencia de infección con ETEC fue 2,3% (14/601). La toxina LT fue prevalente (85,7%, 12/14). La distribución de genes fue LT (9/14), LT+STP (3/14), STP (1/14) y STH (1/14). Este estudio demostró la presencia de ETEC en niños con diarrea. La frecuencia de infección con ETEC alcanzó 2,3% y las cepas caracterizadas presentaron uno o dos genes de toxinas. Futuros trabajos más extensos que incluyan distintas regiones serán necesarios para establecer la relevancia de la infección con ETEC en la población pediátrica de Argentina.

GMO 5

BACTERIAL DIVERSITY USING METAGENOMICS OF 16S rRNA IN THE INTESTINAL MICROBIOTA OF PATIENTS UNDER TREATMENT AGAINST *Helicobacter pylori*, LIMA – PERU

Jaramillo Valverde L.J.¹, K. Levano Najarro¹, A. Vásquez Domínguez¹, R. García De La Guardia², S. Davison³, A. Gómez³, H. Guio Chunga¹. ¹INBIOMEDIC Research and Technological Development Center, Lima, Peru; ²Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú; ³Department of Animal Science, University of Minnesota, St. Paul, MN, USA. E-mail: luisjaramillovalverde@gmail.com

The intestinal microbiota (IM) is comprised of various types of symbiotic microorganisms, mainly bacteria, whose composition varies between individuals. However, the use of medications can lead to an imbalance in the IM, generating the state of dysbiosis. Based on previous studies, we hypothesized that IM bacterial diversity is affected during *Helicobacter pylori* (HP) treatment in Peruvian patients during 2020–2021. In this longitudinal study of 11 participants who completed HP treatment, we collected four stool samples for each one: 1) control (person living in the same household), 2) before treatment, 3) at the end of treatment and 4) fifteen days after treatment. DNA was extracted and 16S rRNA sequencing was performed using the Illumina MiSeq platform. We got amplicon sequence variant (ASV) using the QIIME2 packages and diversity analysis were carried out using the R software (version 4.1.1). We confirm our hypothesis because the alpha diversity (Shannon and Simpson indices) of bacteria was altered after anti-HP treatment. In the case of beta diversity, we report similar behavior in bacterial composition within the compared groups ($R^2=0.55$, $p<0.001$). Finally, we report six taxonomic families that could be significantly altered by anti-HP treatment: Bifidobacteriaceae, Lactobacillaceae, Lachnospiraceae, Enterobacteriaceae, Streptococcaceae and Prevotellaceae. Based on our results, we propose that studying the role of altered bacterial in the composition of IM could offer strategies to improve clinical outcomes against anti-HP treatment.

GMO 6

ANÁLISIS DE LAS VARIANTES CIRCULANTES DEL VIRUS SARS-COV-2 EN LA PROVINCIA DE CORRIENTES, ENERO 2022

Sánchez D.B., G.A. Acevedo, Y.A. Giménez, R.B. Figueredo, M.F. Ferrini, M.C. Zimmermann. Laboratorio de Medicina Genómica, Facultad de Medicina, UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: deboriisanchez@gmail.com

Desde el inicio de la pandemia producida por el virus SARS CoV-2 hemos sido testigos de la aparición de nuevas variantes que poseen mayor transmisibilidad, evasión de la respuesta inmune y letalidad. La secuenciación genómica ha sido una herramienta esencial para comprender mejor los patrones evolutivos y de dispersión viral. A tales efectos, es de suma importancia contar con datos provinciales, permitiendo a las entidades sanitarias tomar medidas de control y prevención acorde a la problemática presentada. El objetivo de este trabajo fue describir las variantes en circulación en la provincia de Corrientes, durante el mes de enero de 2022. Para ello, se estudiaron 92 muestras de hisopado nasofaríngeo detectables para SARS CoV-2, procedentes de distintas localidades de la provincia. Las muestras clínicas se procesaron para realizar secuenciación del fragmento CDC-29 de la proteína Spike, mediante la reacción de Sanger y posterior electroforesis capilar en el Analizador genético ABI 3500. El análisis bioinformático de los datos se llevó a cabo mediante el uso de los *software* SeqScape y Alliview. Es importante destacar que, en el periodo analizado, la variante Ómicron BA.1 ha sido la predominante en circulación comunitaria en la provincia, alcanzando 100% de las identificaciones en la última semana analizada. Este estudio permitió tomar acciones a nivel epidemiológico de vital trascendencia en nuestra región, ya que Corrientes cuenta con zonas fronterizas Argentina – Brasil, siendo un punto estratégico de vigilancia genómica.

GMO 7

DESARROLLO DE UN SISTEMA DE TIPIFICACIÓN PARA EL ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Nosema ceranae*, UN PARÁSITO DE LA ABEJA

Lannutti L., J.I. Saborit, M. Florin-Christensen, L. Schnittger.
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Universidad de Morón (UM), Buenos Aires, Argentina. E-mail: llannutti@hotmail.com

Por su servicio de polinización, *Apis mellifera*, la abeja melífera europea, es de gran importancia para la producción y obtención de alimentos en todo el mundo. Uno de los patógenos más relevantes que infectan a la abeja es *Nosema ceranae*, un microsporidio intracelular obligado, agente causal de la nosemosis. Esta genera hambruna, inmunosupresión y diarrea, debilitando y comprometiendo la viabilidad de la colmena. En la actualidad, se desconoce la diversidad genética y estructura poblacional de *N. ceranae* en Argentina en relación con otras regiones geográficas. Por ello, estamos desarrollando una herramienta de tipificación multilocus, basada en SRTs (*Short Tandem Repeats*), que permita estudiar los parámetros de la población. Mediante una búsqueda bioinformática en el genoma de *N. ceranae* se identificaron 100 micro y minisatélites con repeticiones de entre 2 y 47 pb como posibles marcadores. En un primer paso, se diseñaron 46 pares de *primers* con los que se amplificaron fragmentos de hasta 600 pb a partir de ADN genómico de cinco aislamientos de *N. ceranae* de diferentes regiones climáticas de Argentina y extranjeras (Alemania, España, Hungría y Italia), para identificar polimorfismos de tamaño en los amplicones generados. Hasta el momento, se pudieron identificar siete loci potencialmente polimórficos. Además, se observó para tres de ellos la presencia de hasta cuatro bandas generadas con el mismo par de *primers*, utilizando cinco muestras diferentes, lo que podría indicar variantes alélicas en la misma colmena o bien tetraploidía de esta especie.

GMO 8

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE *Actinomucor elegans* LBM 239 TOLERANTE A CARBENDAZIM AISLADO DE SUELO HORTÍCOLA DE MISIONES

Belardita A., A.J. Baumann, G.V. Díaz, I.J.B. Szylak, B.V. Argüello, P.D. Zapata. Instituto de Biotecnología Misiones (InBioMis), Misiones, Argentina. E-mail: agusbelardita@gmail.com

El Carbendazim es un fungicida sistémico cuyos efectos tóxicos sobre los seres vivos se consideran una amenaza para el medio ambiente. La capacidad de tolerancia de los hongos puede ser aprovechada en estrategias biotecnológicas para mitigar sus efectos ambientales. Previamente, el grupo de investigación aisló al hongo LBM 239 de muestras de suelo hortícola de Misiones, el cual presentó tolerancia al Carbendazim a 100 ppm. El objetivo fue identificar el aislamiento LBM 239 mediante métodos moleculares utilizando los marcadores de ADN ribosomal 18S, ITS y D1/D2 28S. Se realizó la amplificación por PCR estándar con los cebadores NS1-NS4, ITS1-ITS4 y NL1-NL4, respectivamente. Se obtuvieron las secuencias nucleotídicas consenso de 1005, 549 y 693 pb que fueron depositadas en el GenBank, con números de acceso MW015099, OL778828 y MW015105. Se contrastaron las secuencias obtenidas con las existentes en la base de datos del NCBI utilizando la herramienta Blastn. El alineamiento por pares arrojó un 99,65% de identidad con secuencias reportadas de *Actinomucor elegans*. Además, se realizó la reconstrucción de árboles filogenéticos a partir de las secuencias concatenadas de dichos marcadores utilizando como referencia los árboles presentados en Nguyen *et al.* (2017). El aislamiento LBM 239 se agrupó con secuencias de *A. elegans*, con un valor de bootstrap de 100. De esta manera, se confirmó la identidad específica del aislamiento LBM 239 como *A. elegans*. La identificación correcta de hongos a nivel de especie es primordial para su potencial aplicación biotecnológica en el ambiente.

GMO 9

COLONIZACIÓN RADICAL DE PLANTINES DE YERBA MATE POR CEPAS PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO VEGETAL

Boycho M.E., I.J. Cortese, A.L. Onetto, M.L. Castrillo, M.E. Laczeski. Laboratorio de Biotecnología, Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (InBioMis), Misiones, Argentina. E-mail: boychomarisa@gmail.com

En ensayos previos el grupo de trabajo aisló dos cepas de *Bacillus altitudinis* de plantines de yerba mate en la provincia de Misiones y las seleccionó por sus propiedades para promover el crecimiento vegetal *in vitro* y en vivero. El objetivo del presente ensayo fue comprobar la colonización de las raíces de plantines de yerba mate por *B. altitudinis* T5S-T4 y *B. altitudinis* 19RS3. Para ello se realizaron tres tratamientos que consistieron en *B. altitudinis* T5S-T4, *B. altitudinis* 19RS3, la combinación de ambas cepas y un control negativo. Para cada cepa, se realizó una suspensión bacteriana con una concentración de $1,5 \times 10^8$ UFC/ml. Se realizó la desinfección superficial de las raíces de cuatro plantines de yerba mate orgánicos y se las sumergió en 30 ml de cada suspensión bacteriana durante 48 h en cámara de germinación. Se lavaron las raíces con agua destilada estéril y se realizó la extracción de ADN, utilizando un kit comercial. La PCR se llevó a cabo en un volumen final de 20 μ l, utilizando cebadores cepa específicos diseñados previamente y una temperatura de hibridación de 56° C. Se detectó la cepa *B. altitudinis* T5S-T4 tanto en el tratamiento individual como en el combinado, sin embargo, la cepa *B. altitudinis* 19RS3 no se identificó bajo el límite de detección ensayado. No se obtuvieron amplificaciones para el control negativo. Los resultados obtenidos demostraron la capacidad de *B. altitudinis* T5S-T4 para colonizar casi inmediatamente las raíces de los plantines de yerba mate. Esta característica la convierte en una buena candidata para su futura aplicación como biofertilizante.

GMO 10

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE ESPECIES DE *Diaporthe* ASOCIADAS AL CANCRO DEL TALLO DEL GIRASOL (CTG)

Mancebo M.F.¹, M.E. Bazzalo¹, R.J. Reid¹, A. Zambelli². ¹Advanta Semillas, Balcarce, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata-CONICET, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. E-mail: andres.zambelli@mdp.edu.ar

El cancro del tallo del girasol (CTG) por *Diaporthe* es una enfermedad de creciente relevancia debido al aumento sostenido de su prevalencia en la principal zona girasolera argentina. Usualmente los hongos causales del CTG se identificaron por las características morfológicas del cultivo *in vitro*, aunque este criterio puede llevar a errores. Por ello se recomienda la complementación con filogenias basadas en secuencias génicas. Un relevamiento en lotes de girasol de la región pampeana sur permitió coleccionar 187 aislados fúngicos obtenidos de plantas con síntomas de CTG los que se cultivaron *in vitro*. A partir de aislados representativos de cada grupo morfológico se obtuvieron secuencias parciales de los loci ITS (*nuclear ribosomal internal transcribed spacer*), β -tubulina y EF1- α (*translation elongation factor 1- α*), se alinearon con secuencias homólogas de distintas especies de *Diaporthe* disponibles en GenBank y se construyeron árboles por el método de máxima verosimilitud. La reconstrucción filogenética con cada locus individual mostró algunas diferencias menores en los agrupamientos, dependiendo de las tasas evolutivas o sea de si se trata de secuencias codificantes (β -tubulina y EF1- α) o no (ITS). A su vez se trabajó con los tres loci concatenados. El análisis filogenético combinado con la morfología *in vitro* sugiere la existencia de seis especies asociadas a CTG: *D. helianthi*, *D. gulyae*, *D. caulivora*, *D. sojae*, *D. kongii* y *D. longicolla*. El desarrollo de métodos de PCR específicos para los loci de estudio puede constituir una herramienta útil para el diagnóstico y el seguimiento epidemiológico de CTG.

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

POPULATION GENETICS AND EVOLUTION



GPE 1

MÉTODO DE EXTRACCIÓN DE ADN AMBIENTAL EN ECOSISTEMAS DULCIACUÍCOLAS

De la Cruz López D.J.¹, L. Moreno¹, S. Marsa², M.E. Vásquez Gómez². ¹Área de Ecología, Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina; ²Laboratorio de Diabetes, Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina. E-mail: davidjosedelacruzlopez@gmail.com

Los seres vivos tienen la particularidad de liberar ADN en su ecosistema debido a procesos fisiológicos, éste es denominado ADN ambiental. Muchos estudios usan técnicas de “*Barcoding*” para la búsqueda indirecta de organismos usando ADN ambiental. Como objetivo se buscó poner a punto un método de extracción de ADN ambiental en ecosistemas dulciacuícolas. Las muestras fueron tomadas del parque japonés de la Universidad Nacional de San Luis y de dos puntos del río del Volcán en San Luis. Se evaluaron diferentes métodos de filtrado y cantidades de muestra a filtrar. Los kits de extracción ensayados fueron QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen) y High Pure PCR Template Preparation Kit (HP-PCR-TP Kit, Roche) para sangre periférica, NucleoSpin DNA Water (Macherey Nagel) y distintas cantidades de proteinasa K. La cantidad e integridad del ADN fue evaluada por espectrofotometría y mediante un gel de agarosa al 1%, teñido con Gel Red, respectivamente. Se obtuvo ADN solo con HP-PCR-TP Kit y el Kit NucleoSpin DNA Water. La mejor cantidad y calidad de ADN se obtuvo filtrando 1.000 ml de agua o hasta que el filtro se saturara en una bomba de filtrado al vacío con filtros “GN-6 Metrical®” de poros de 0,45 μm . Se utilizaron dos filtros en el HP-PCR-TP Kit, se le adicionaron 40 μl de buffer de lisis e incubó 40 min, luego se adicionaron 40 μl de proteinasa K y la muestra se calentó a 55° C por 30 min en un baño maría, después se siguieron las indicaciones del fabricante. Se obtuvieron mejores resultados con HP-PCR-TP Kit, el cual no es específico para muestras de agua. Este método fue más económico y efectivo.

GPE 2

INFLUENCIA DEL TAMAÑO POBLACIONAL Y DE LA MIGRACIÓN SOBRE LA REDUCCIÓN DE LA HETEROCIGOSIS RESULTANTE DE LA ACCIÓN DE DERIVA GENÉTICA Y ENDOCRÍA

López Hermann F.A.¹, M.V. García^{1,2}, M.E. Barrandeguy^{1,2}. ¹Laboratorio de Genética de Poblaciones y Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas, UNaM - CONICET, Misiones, Argentina. E-mail: fatimalopezhermann0@gmail.com

En genética de poblaciones pequeñas la acción de la deriva genética y de la endocría es central en el mantenimiento de la diversidad genética. El objetivo del trabajo fue cuantificar, mediante simulaciones computacionales, la influencia conjunta del tamaño poblacional y de la migración sobre la reducción de la variabilidad genética, medida como heterocigosis, resultante de deriva genética y/o endocría. Se obtuvieron pseudodatos moleculares mediante simulaciones de 10 *loci* SSRs en 180 individuos diploides tomados de nueve subpoblaciones de tamaño N , considerando deriva genética en cada subpoblación y migración entre subpoblaciones adyacentes. Se simularon cuatro escenarios combinando dos tamaños de subpoblación ($N_A=100$; $N_B=20$) y dos tasas de migración ($m_C=0,5$; $m_D=0,005$). Por escenario se simularon 100 conjuntos de datos y se estimó la heterocigosis esperada (H_e), el índice de fijación (F_{ST}) y el coeficiente de endocría poblacional (F_{IS}). Los resultados indicaron que cuando la tasa de migración era baja la reducción del tamaño poblacional generaba mayor pérdida de heterocigosis ($H_e=0,511$) y aumentaba la diferenciación genética entre subpoblaciones ($F_{ST}=0,519$) por acción de la deriva genética. Además, los cambios en el tamaño y tasa de migración no produjeron reducción de heterocigosis por endocría ($F_{IS}=0,055$). Así, en poblaciones pequeñas la reducción de heterocigosis fue mayor como resultado de la combinación de deriva genética con una baja tasa de migración, mientras que el no detectarse efectos de endocría podría deberse a la falta de incorporación de una escala temporal en los modelos.

GPE 3

ORÍGENES: HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES EN UNA COLONIA DE ORIGEN SUIZO DE MISIONES

Cutó F.S.^{1,2}, P.N. Ravarino^{1,2}, D.J. Sanabria³, M.E. Totaro^{1,2}, M. Mampaey², D.J. Liotta^{2,4}, I. Badano^{1,2,3}. ¹Laboratorio de Antropología Biológica y Bioinformática Aplicada, UNaM, Misiones, Argentina; ²Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina; ⁴Instituto Nacional de Medicina Tropical (INMeT) ANLIS "Dr. Carlos Malbrán", Puerto Iguazú, Misiones, Argentina E-mail: sebastian.cuto@gmail.com

El ADN mitocondrial (ADNmt) es un genoma pequeño extranuclear, no recombinante, de herencia estrictamente materna, empleado para identificar los orígenes etno-geográficos de los individuos. El objetivo fue determinar los haplogrupos (Hg) del ADNmt en una localidad del interior de Misiones y compararlo con el origen de los apellidos paternos, caracterizados por su herencia patrilineal. Se analizaron 76 muestras. Los y las participantes residían en Ruiz de Montoya, una colonia fundada en 1920 por inmigrantes europeos. Se contó con el consentimiento informado y el aval del Comité de Ética en Investigación (CEI). Los Hg se determinaron mediante PCR y secuenciación de la Región Hipervariable -1 (HVS-1). El origen de los apellidos fue determinado con la base de datos del CEMLA (www.cemla.com) y Geneanet (www.es.geneanet.org/apellidos). Las comparaciones se realizaron empleando el test exacto de Fisher. Se identificaron 13 Hg (A, B, C, D, H, HV, J, K, N, T, U, V, W) y se determinó un aporte del 43% amerindio y 57% europeo. El Hg más frecuente fue el H (20%) seguido por el U y el B (13% c/u). Los apellidos fueron 82% de origen europeo, 12% no europeo y 6% sin determinar. Las diferencias entre ambos marcadores fueron significativas (<0,05). En conclusión, se determinó una importante contribución europea de Hg mitocondriales, lo cual coincide con el registro histórico de poblamiento de Misiones. Por otra parte, los apellidos también sugieren la existencia de contribuciones direccionales a nivel patrilineal. Futuros estudios de cromosoma Y ayudarán a confirmar estos resultados.

GPE 4

HISTORIA DEL MESTIZAJE EN EL NOROESTE ARGENTINO: CORRELACIÓN DE ORIGEN ENTRE LINAJES GENÉTICOS Y ANTROPONÍMICOS

Alfaro E.^{1,2}, S.A. Geronazzo², G. Bailliet³. ¹Instituto de Ecorregiones Andinas, UNJu – CONICET, Jujuy, Argentina; ²Instituto de Biología de la Altura, UNJu, Jujuy, Argentina; ³IMBICE-CCT-La Plata, CIC-UNLP, La Plata, Argentina. E-mail: emma.alfarogomez@gmail.com

La población argentina procede del mestizaje de tres poblaciones principales: nativos americanos, europeos y africanos, proceso que presenta marcadas diferencias regionales. En este trabajo se analizó la conformación de la población actual del Noroeste Argentino (NOA) integrando información molecular y genealógica para comprender la historia de mestizaje en la región. Se incluyeron 1.020 participantes de sexo masculino que cuentan con la determinación del haplogrupo al que pertenece su cromosoma Y con origen geográfico asignado y con apellido clasificado por origen geolingüístico. Además, se analizaron los datos de lugar de nacimiento de abuelos paternos y los haplotipos de 210 individuos. El NOA en conjunto, muestra fuerte asociación entre haplogrupos nativo-americanos y apellidos autóctonos siendo los individuos de Jujuy los que presentan las mayores probabilidades iniciales de tener un haplogrupo nativo-americano y un apellido autóctono. Al considerar haplotipos, apellidos y origen del abuelo paterno se identificaron casos de coincidencia de origen y también apellidos polifiléticos y transmisión materna del apellido. La complementariedad entre el origen de los linajes del cromosoma Y y los apellidos encontrada permitió realizar un análisis genético, demográfico e histórico de la contribución relativa de población inmigrante, tanto americana como de ultramar, en la constitución de poblaciones actuales del NOA.

GPE 5

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DEL HAPLOGRUPO C1 DE MISIONES

Ravarino P.N.^{1,2}, F.S. Cutó^{1,2}, D.J. Sanabria³, A.E. Ocampo^{2,3}, M.E. Totaro^{1,2}, I. Badano^{1,2,3}. ¹Laboratorio de Antropología Biológica y Bioinformática Aplicada, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina. Email: inesbadano@gmail.com

El origen del aporte amerindio a la población de Misiones es fragmentario e incompleto. El análisis de la región HVS-1 del ADN mitocondrial ha permitido determinar que un 23% de la población presenta Haplogrupo amerindio C1 (HgC1). En este contexto, el objetivo fue analizar las relaciones filogenéticas del HgC1 de Misiones con pueblos originarios contemporáneos y antiguos disponibles en base de datos. Con este fin, se analizaron 63 secuencias de Misiones, 59 secuencias de ADN moderno de la región del Centro, Gran Chaco y Salta y 40 secuencias de ADN antiguo de poblaciones sudamericanas, todas disponibles en GenBank. El set de datos (n=162 y 462 pb) fue alineado con Muscle y el modelo evolutivo fue seleccionado en función del criterio BIC (Hasegawa-Kishino-Yano). La reconstrucción filogenética fue realizada con Maximum Likelihood y 100 bootstraps en MEGA7. La topología del árbol permitió identificar 13 *clusters* con soporte >50 y resolver el agrupamiento de 27 muestras de Misiones. Se identificaron tres patrones: Misiones con muestras antiguas del Perú (dos muestras y dos *clusters*), Misiones con muestras modernas del Gran Chaco y Centro de Argentina (una muestra y un *cluster*) y Misiones (24 muestras y 10 *clusters*). En nuestro *dataset*, el 89% de los HgC no estuvieron relacionados con otras secuencias modernas o antiguas de la región. Será necesario ampliar nuestro análisis a otras regiones geográficas para determinar el origen de la matriz amerindia de la población.

GPE 6

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN DE LA PROPORCIÓN DE SEXOS EN LOS PICHONES DEL YETAPÁ DE COLLAR (*Alectrurus risora* Vieillot, TYRANNIDAE).

Kraemer S.¹, A.S. Di Giacomo¹, A.G. Di Giacomo², B. Mahler^{3,4}, C. Kopuchian¹. ¹Laboratorio de Biología de la Conservación, Centro de Ecología Aplicada del Litoral- CONICET, Corrientes, Argentina; ²Departamento de Conservación, Aves Argentinas/Birdlife Argentina, Buenos Aires, Argentina; ³Laboratorio de Ecología y Comportamiento Animal (LEyCA), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA) – CONICET, Buenos Aires, Argentina; ⁴Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN), Univ. de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina. E-mail: skraemer98@gmail.com

La hipótesis de Trivers-Willard predice que los desvíos en la proporción de sexos de los pichones de especies poligínicas están relacionados con la condición corporal de los parentales o las características del ambiente en el que crían. El Yetapá de Collar (*Alectrurus risora* Vieillot) es un ave que habita y se reproduce en pastizales naturales de Argentina y Paraguay, encontrándose amenazada a nivel global (estado Vulnerable). Se conoce la existencia de diferencias en el éxito reproductivo de los individuos de ambos sexos según el ambiente en el que nidifican en la Reserva Ecológica El Bagual, Formosa, siendo mayor en los individuos que anidan en los pastizales de zonas altas. En base a esto, analizamos si existían desvíos en la proporción de sexos de los pichones según el ambiente de nidificación. Sexamos molecularmente 105 pichones pertenecientes a cuatro temporadas reproductivas. El análisis poblacional de la proporción de sexos entre pichones no mostró diferencias significativas entre pastizales. Sin embargo, al analizar las temporadas por separado, encontramos un desvío significativo hacia machos en la temporada 2008-2009. En las restantes temporadas no se encontraron desvíos significativos en la proporción de sexos. Nuestros resultados no muestran que existan desvíos en la proporción de sexos en los pichones de esta especie según el ambiente donde nidifican, sin embargo, encontramos indicios de que las características de cada temporada podrían influir en la existencia de sesgos.

GPE 7

EFFECTOS FENOTÍPICOS EN EL ESCARABAJO COPRO-NECRÓFAGO *Canthon quinquemaculatus* Castelnau: EL ROL DEL USO DE LA TIERRA Y EL CONTEXTO REGIONAL (MISIONES, ARGENTINA)

Galeano M.B., C. Guerra Alonso, S. Soto, G. Zurita. UBA Exactas, Buenos Aires, Argentina. E-mail: marianabeleng@gmail.com

La respuesta de las especies al disturbio antrópico depende del contexto regional y la historia evolutiva de las poblaciones. El Chaco Húmedo y el Bosque Atlántico constituyen bosques subtropicales del norte de Argentina que comparten especies, pero con bajo flujo génico entre poblaciones. Nuestro objetivo fue estudiar la influencia del contexto regional en la respuesta fenotípica del escarabajo estercolero *Canthon quinquemaculatus* a la ganadería en estos bosques. Nos preguntamos si la respuesta morfológica intraespecífica depende de las características de la población. Medimos 18 rasgos morfológicos del cuerpo y las extremidades relacionados al potencial excavador, alimentación y nidificación de la especie. Utilizando relaciones alométricas, análisis multi-rasgo y de rasgos individuales comparamos la morfometría de los individuos de bosques nativos y áreas ganaderas en ambas regiones. Los individuos de bosque y pasturas fueron morfológicamente diferentes entre ambientes y regiones. Si bien la ganadería tuvo un impacto sobre la morfología de los individuos, la respuesta fue diferente entre regiones. Las variaciones fenotípicas observadas en este trabajo como respuesta a la presión generada por el disturbio antrópico, podrían explicarse mediante microevolución, plasticidad o un conjunto de ambas. Comprender los procesos de adaptación y respuesta a nivel genético de las poblaciones es importante a la hora de la toma de decisiones en cuanto a ambientes a conservar y cómo manejar las matrices antrópicas que los rodean, para una mayor sustentabilidad.

GPE 8

VARIABILIDAD DEL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO OXIDASA I (COI) EN EL ORTÓPTERO PLAGA *Dichroplus elongatus* Giglio-Tos (ACRIDIDAE)

Rosetti M.E.N., M.I. Remis. IEGEBA, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CABA, Argentina. E-mail: deedeemolesta@yahoo.com.ar

Dichroplus elongatus es un acrídido de amplia distribución geográfica, considerado plaga de cultivos debido a su capacidad para incrementar su tamaño poblacional. Estudios previos, analizando 526 pb del gen mitocondrial *citocromo oxidasa I (COI)*, demostraron una moderada señal filogeografía entre poblaciones del Centro-Este de Argentina. El presente trabajo analizó la variación de secuencias del mismo gen en poblaciones de *D. elongatus* de las provincias de Córdoba, La Pampa y San Luis con el objeto de lograr una mejor caracterización de la especie en su área de distribución. En el área analizada se detectaron nueve haplotipos definidos por 19 sitios polimórficos. Los dos haplotipos con mayor incidencia coincidieron con los haplotipos predominantes detectados previamente. Además, se identificaron cinco haplotipos nuevos. La población del norte de La Pampa exhibe niveles bajos de diversidad nucleotídica y haplotípica, además de evidenciar señales de inestabilidad demográfica. Las poblaciones de San Luis y sur de Córdoba poseen niveles altos de diversidad nucleotídica y haplotípica y son estables demográficamente. La disminución relativa en la diversidad de ADNmt al norte de la provincia de La Pampa podría ser resultado de cuellos de botella y posterior expansión poblacional histórica. El análisis de la variación molecular (Φ_{ST} y F_{ST}), considerando también las poblaciones de Córdoba previamente estudiadas, demostraron diferenciación significativa entre y dentro de poblaciones. La señal filogeográfica detectada podría explicarse por conexiones históricas mediadas por flujo génico, así como por procesos demográficos.

GPE 9

DESARROLLO DE MARCADORES MOLECULARES MEDIANTE GBS- DDRADSEQ EN *Diatraea saccharalis* Fabricius

Corach A.^{1,2}, C.V. Filippi^{1,3}, F. Flores⁴, M.N. Ulrich¹, H. Andrada⁵, H.E. Hopp⁶, D.S. Tosto^{1,2}. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Biotecnología IABIMO UEDD- INTA CONICET, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET, Argentina; ³Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ⁴EEA Marcos Juárez - INTA, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina; ⁵AER Quines INTA, Quines, San Luis, Argentina; ⁶Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina. E-mail: corach.alejandra@inta.gov.ar

La resistencia a lepidópteros es uno de los caracteres principales de los cultivos de maíz transgénicos sembrados en el país y constituye una gran presión selectiva sobre las especies blanco de acción de las toxinas Bt. En Argentina se reportó la resistencia al maíz Bt en *Diatraea saccharalis* por primera y única vez en la localidad de Quines, San Luis, en 2013. A fin de desarrollar herramientas moleculares que permitan monitorear la evolución de la resistencia, se realizó un ensayo de genotipificado por secuenciación, con doble digestión enzimática (GBS-ddRADseq). Se seleccionaron las enzimas *MobI* y *EcoRI*, y un rango óptimo de selección por tamaño de 400-500 pb. Se genotipificaron individuos resistentes y susceptibles. Se generaron en promedio 1,33 M de lecturas pareadas por muestra (Illumina, 2x250 pb). El mapeo contra el genoma de referencia de la especie (versión draft) rindió entre 66,09% y 68,48% lecturas mapeadas para los distintos individuos. El análisis de estos datos con el *software* Stacks, seguido de un filtrado astringente, permitió identificar 17.342 SNPs en 6.854 regiones polimórficas. En paralelo, se utilizó el *software* MISA para la identificación de marcadores SSR, detectándose 87 SSRs polimórficos. Las herramientas moleculares aquí generadas podrán ser utilizadas tanto en análisis poblacionales como para realizar estudios que permitan analizar posibles mecanismos involucrados en la resistencia al maíz Bt en la especie.

GPE 10

LAS BASES GENÉTICAS DE LA CAPACIDAD DE VUELO EN *Drosophila melanogaster* Meigen

Flaibani N., M.C. Sabio, J.J. Fanara, V.P. Carreira. Laboratorio de Evolución-IEGEB- Facultad de Cs Exactas y Naturales, UBA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: n.flaiba@hotmail

El vuelo de los insectos está involucrado en diversos comportamientos y se relaciona con distintos tipos de caracteres (morfológicos, fisiológicos, etc.) por lo que se espera que esté sujeto a presiones selectivas diferenciales y presente una arquitectura genética compleja. El objetivo de este trabajo fue estudiar las bases genéticas de dos estimadores de la capacidad de vuelo (CV): la proporción de tiempo en vuelo (PTV) y su robustez (RO), estimada como el coeficiente de variación de la PTV. Se emplearon moscas de ambos sexos de 53 líneas de *Drosophila melanogaster* derivadas de una población natural cuyos genomas están secuenciados. El análisis mediante modelos lineales generales mixtos permitió detectar variabilidad genética para ambas variables. Los análisis de asociación genotipo-fenotipo permitieron identificar 53 y 80 regiones genéticas variables asociadas a la variación de PTV y RO, respectivamente. Estos polimorfismos están distribuidos en 24 genes para PTV y en 46 para RO, habiendo sólo uno en común entre ambas variables. Los polimorfismos detectados fueron sexo-específicos y se concentraron en las hembras. El análisis de ontología génica realizado con los genes candidatos identificados en conjunto permitió detectar un enriquecimiento en procesos biológicos asociados a neurogénesis, morfogénesis, desarrollo muscular y, en menor medida, la adhesión y la diferenciación celular. Nuestros resultados revelan que la CV presenta una base poligénica y sexo-dependiente, formada por varios genes candidatos, de los cuales algunos ya fueron asociados a este carácter y otros son novedosos.

GPE 11

ARQUITECTURA GENÉTICA DE LA FORMA DEL ALA DE *Drosophila simulans* Sturtevant

Turdera L., J.J. Fanara, V.P. Carreira. Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, DEGE-FCEN-UBA, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, IEGEBA-CONICET, CABA, Argentina. E-mail: lu.turdera@gmail.com

El estudio de los mecanismos que promueven la evolución morfológica constituye un aspecto central de la biología evolutiva que debe incluir el análisis de los factores genéticos y ambientales que causan la variación fenotípica. En ese sentido, múltiples investigaciones han mostrado que el ala de *Drosophila* constituye un modelo adecuado para tales estudios ya que tanto su tamaño como su conformación son caracteres hereditarios que se correlacionan con varios componentes del *fitness*. En este trabajo analizamos la variabilidad genética (VG) y plasticidad fenotípica (PF) de la forma del ala en líneas isogénicas de *D. simulans* derivadas de una población natural. Particularmente, cuantificamos el tamaño de centroide (TC) y las deformaciones relativas (DR) -como estimadores del tamaño y la conformación alar respectivamente- en machos de cada línea isogénica criados en diferentes temperaturas (17° C y 25° C). Los resultados mostraron que ambos caracteres (TC y DR) presentaban una variación significativa entre líneas; una diferencia fenotípica significativa entre temperaturas, siendo mayor el TC a 17° C -observado en otras investigaciones- y una interacción línea-temperatura significativa. En conclusión, nuestros resultados en *D. simulans* demuestran que la forma del ala presenta VG, puesto que hay varianza entre líneas, existe PF, ya que hay diferencias entre temperaturas y ocurre interacción genotipo-ambiente, con VG para la PF, lo que podría contribuir a su mantenimiento y eventualmente a su evolución adaptativa.

GPE 12

ANÁLISIS DEL GEN *CITOCROMO OXIDASA III* EN POBLACIONES BOLIVIANAS DEL NEMATODO DEL QUISTE *Globodera rostochiensis* (Wollenweber) Skarbilovich, (NEMATODA: HETERODERIDAE)

Sosa M.C.¹, J.C. Rondan Dueñas², A.J. Andrade³, J.F. Ponce⁴, P. Lax¹. ¹Instituto de Diversidad y Ecología Animal (CONICET-UNC), Centro de Zoología Aplicada, Córdoba, Argentina; ²CEPROCOR, Córdoba, Argentina; ³Instituto de Biología de la Altura, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy, Argentina; ⁴CABI, Lima, Perú. E-mail: ceeci.sosa@gmail.com

El nematodo fitófago *Globodera rostochiensis* (Wollenweber) Skarbilovich, es considerado una de las plagas de mayor agresividad para el cultivo de papa (*Solanum tuberosum* L.), produciendo importantes daños económicos a nivel mundial. Los análisis filogeográficos permiten dilucidar la historia evolutiva de las especies y rutas de migración o colonización, así como expansiones demográficas recientes. En este trabajo se analizó la variabilidad del gen *citocromo oxidasa III* (*COIII*) en quistes provenientes de campos de papa de nueve localidades del departamento Cochabamba y una de La Paz (Bolivia). Se extrajo ADN de 20 quistes; la amplificación y secuenciación parcial de dicha región se realizó utilizando un set de *primers* diseñados para este estudio. El análisis comparativo de un fragmento de 411 pb reveló 15 haplotipos determinados por 37 sitios variables. La diversidad nucleotídica (π) observada fue de 0,021 mientras que la diversidad haplotípica (H_d) fue de 0,968. Para las distintas localidades analizadas se observaron haplotipos exclusivos; sólo uno fue compartido por dos localidades del departamento Cochabamba. Los individuos analizados muestran una alta variabilidad de haplotipos en la región *COIII*, sin embargo, difieren en un número reducido de nucleótidos. Si bien se analizaron pocos individuos, estos resultados podrían indicar un crecimiento poblacional rápido reciente de *G. rostochiensis* en la región de estudio.

GPE 13

ROL DE LA POLIPLOIDÍA Y APOMIXIS EN LA DIVERSIDAD MOLECULAR DE ESPECIES MULTIPLOIDES DE *Paspalum* L. (POACEAE)

Reutemann A.V.¹, A.I. Honfi², E.J. Martínez¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ²Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM). E-mail: vreutemann@gmail.com

Paspalum L. es un género de gramíneas sudamericano con citotipos diploides sexuales y poliploides apomícticos. El objetivo del trabajo fue dilucidar la influencia de la apomixis y la poliploidía sobre la diversidad molecular presente en poblaciones naturales de *Paspalum maculosum* Trin. y *P. cromyrorhizon* Trin. ex Döll. Para ello, se realizó un análisis molecular con AFLP en dos poblaciones diploides sexuales, tres poblaciones multiploides y tres poblaciones tetraploides apomícticas facultativas, de 20 individuos cada una, cultivadas experimentalmente. Se estimaron diferentes índices de diversidad genética y se realizaron AMOVA, análisis de *cluster* y ACoP. Además, se realizó un Test de Mantel para ver la correlación con la distribución geográfica. El porcentaje de *loci* polimórficos, número de genotipos diferentes y su representación equitativa dentro de las poblaciones, como los índices de diversidad de Nei y de Shannon, fueron más altos en las poblaciones diploides sexuales respecto a las multiploides y las tetraploides apomícticas facultativas. Las poblaciones de *P. cromyrorhizon* mostraron una alta estructuración ($Rho_{ST}=0,455$, $p=0,001$), en comparación con las poblaciones de *P. maculosum* ($Rho_{ST}=0,19$, $p=0,001$). Se distinguieron dos *clusters*, tanto en *P. cromyrorhizon* como *P. maculosum*, y una baja correlación con las distancias geográficas en ambas especies ($C=0,38$, $p<0,001$; $C=0,20$, $p<0,001$). La presencia y frecuencia del citotipo diploide sexual, y el grado de sexualidad residual de las poblaciones apomícticas facultativas, aumenta la diversidad genética en estas especies.

GPE 14

FERTILIDAD EN POBLACIONES UNIPLOIDES Y MULTIPLOIDES DE *Paspalum alnum* Chase

Schneider J.S.¹, E.J. Martínez², J.R. Daviña¹, D. Hojsgaard³, A.I. Honfi¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN-UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), FCA-UNNE, Corrientes, Argentina; ³Taxonomy & Evolutionary Biology, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany. E-mail: schneider.s.juan@gmail.com

Las poblaciones naturales de especies de *Paspalum* L. pueden ser uniploides o multiploides, donde coexisten dos o más niveles de ploidía. En *P. alnum* Chase se conocen diploides que se reproducen sexualmente y tetraploides que se reproducen por apomixis. Se determinó el nivel de ploidía y la fertilidad de 11 poblaciones de *P. alnum* de Corrientes, Misiones y Santa Fe, Argentina. La ploidía se midió mediante citometría de flujo y la fertilidad a través de la producción de semillas y la viabilidad del polen. La producción de semillas se midió en condiciones de polinización abierta y autopolinización y luego se calculó el Índice de Fertilidad (IF = N° de semillas por inflorescencia / N° de espiguillas por inflorescencia). La viabilidad del polen fue estimada mediante tinción con Lugol y recuentos de granos de polen coloreados. Una población resultó $2x$ pura, siete fueron $4x$ puras, y tres mixtas ($2x-4x$). En polinización abierta, el IF difirió significativamente entre poblaciones uniploides puras ($p<0,01$), siendo $0,22 \pm 0,06$ para la población $2x$ y $0,39 \pm 0,02$ para las poblaciones $4x$. En autopolinización, la población $2x$ no produjo semillas, mientras que las $4x$ tuvieron un IF promedio de $0,25 \pm 0,02$. El IF mostró valores intermedios en poblaciones mixtas. La viabilidad del polen fue de 98,15 y 92,55% para $2x$ y $4x$, respectivamente. *P. alnum* es una especie con dos niveles de ploidía ($2x$ y $4x$) que conviven o se mantienen aislados. La fertilidad varió entre ambos niveles de ploidía, lo cual podría deberse al modo diferencial de reproducción de cada citotipo ($2x$ sexuales y $4x$ apomícticos).

GPE 15

NUEVOS CENTROS DIPLOIDES DE *Paspalum notatum* Flüggé

Escobar L.M.¹, A.V. Reutemann², M.C. Perichon¹, C.A. Sartor¹, C. Chaparro³, J.R. Daviña¹, J.F.M. Valls⁴, E.J. Martínez², A.I. Honfi¹.

¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN-UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ³FACEN, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay; ⁴EMBRAPA/CENARGEN, Brasilia, Brasil. E-mail: lucasmescobar17@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una de las especies de mayor importancia forrajera del género, dada su amplia distribución natural en América y la extensa superficie cultivada. Presenta dos variedades, *P. notatum* var. *notatum*, tetraploide ($2n=4x=40$), apomíctica, pseudógama y autocompatible, y *P. notatum* var. *saurae* Parodi, diploide ($2n=2x=20$), sexual y auto-estéril. El citotipo $4x$ posee una amplia distribución continental; mientras el $2x$ posee su centro de origen en el sureste de Santa Fe (Argentina). El objetivo del trabajo fue determinar el número cromosómico y la distribución geográfica de nuevas accesiones de la especie para localizar nuevas áreas con diploides. Se realizaron recuentos cromosómicos, mediante tinción convencional de Feulgen, en ápices radiculares pretratados con solución saturada de 1-bromonaftaleno. Por otra parte, se determinó el nivel de ploidía de los individuos de las poblaciones, mediante estimación del contenido de ADN relativo por citometría de flujo. Un total de 65 accesiones resultaron tetraploides ($2n=4x=40$) y cinco accesiones fueron diploides ($2n=2x=20$), todas ellas de Argentina, Paraguay y Brasil. Las poblaciones diploides representan nuevos centros de diversificación de *P. notatum* var. *saurae* y resultan de gran interés para ampliar el germoplasma existente. La localización de estos neocentros, distantes del centro de origen de la especie, sugieren eventos de dispersión producto de la naturalización de cultivares diploides. Dichas áreas pueden ser categorizadas como *hot spots* para la conservación de germoplasma de *P. notatum*.

GPE 16

TRIPLE MUTACIÓN EN EPSPS (5-ENOLPIRUVILSHIKIMATO-3-FOSFATO SINTASA) DE LA "SUPERMALEZA" *Amaranthus hybridus* L. ORIGEN EVOLUTIVO

Perotti V.E., V.E. Palmieri, C.E. Alvarez, A.K. Martinatto, A.S. Larran, H.R. Permingeat. Agrobiotec-FCA, IICAR, Santa Fe, Argentina. E-mail: valeriaeperotti@gmail.com

Una población de *Amaranthus hybridus* de Canals (Córdoba) ha mostrado altísima resistencia a glifosato por presentar una nueva versión de la enzima EPSPS (blanco de acción del herbicida), con una triple mutación en la región conservada responsable de este fenotipo. Dicha mutación triple fue denominada TAP-IVS, por las sustituciones que la conforman (T102I, A103V y P106S). Con el objetivo de profundizar las bases moleculares de la resistencia, se realizó la determinación comparativa del número de copias del gen EPSPS mediante qPCR. La población de Canals presentó un leve incremento (promedio de 2,3 veces) comparada con la población susceptible (Huanchilla, Córdoba), que no se vio reflejado en los niveles del transcripto. Además, utilizando la técnica HRMA (*High Resolution Melting Analysis*), se evaluó el grado de contribución de este nuevo mecanismo *target* mediante la estimación de la frecuencia alélica en la población resistente, confirmándose la preponderancia de la triple mutación (~50% en homocigosis y ~50 % en heterocigosis), no encontrándose ni dobles ni simples mutaciones exclusivamente, y más curiosamente, no hallándose plantas susceptibles en dicha muestra de la población resistente. Esto podría deberse a una muestra no representativa de la población (se evaluaron 130 semillas). Paralelamente, se han reportado otras poblaciones de *A. hybridus* resistentes a glifosato por este mismo mecanismo, donde tampoco se hallaron plantas con mutaciones simples o dobles que puedan dar cuenta de un camino evolutivo de acumulación secuencial de mutaciones. Estos resultados podrían ser explicados por un alto costo adaptativo de los genotipos "intermedios".

GPE 17

ORIGEN DEL ARROZ MALEZA (*Oryza sativa* f. *spontanea* Roshev.) EN ARGENTINA: DE-DOMESTICACIÓN LOCAL COMO UNA DE LAS POSIBLES VÍAS DE EVOLUCIÓN

Presotto A., F. Hernández, R.B. Vercellino, D. Kruger, L. Fontana, M.S. Ureta, J. Barnett, M. Crepy, G. Auge, A. Caicedo. Departamento Agronomía, UN del Sur, CERZOS-CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: apresotto@uns.edu.ar

La presencia de arroz maleza (AM), *Oryza sativa* f. *spontanea*, es una problemática común en la mayoría de las regiones arroceras del mundo y su origen se relaciona principalmente con eventos de de-domesticación de cultivares de arroz. En Argentina, el AM es una de las principales limitantes del cultivo de arroz, aunque se desconoce el origen de estos biotipos. El objetivo de este trabajo fue estudiar la estructura genética e inferir el origen de los biotipos de AM argentinos. Mediante genotipificado por secuenciación se analizaron 64 individuos de arroz, 59 biotipos de AM (provenientes de Corrientes, Entre Ríos, Santa Fe, Chaco y Formosa) y cinco variedades cultivadas en Argentina (Fortuna INTA, IRGA409, IRGA424, Gurí INTA CL y Pucará). Las secuencias fueron comparadas con la base de datos disponible de arroz (accesiones de Estados Unidos, Colombia, España, y NE, SE y S de Asia) de la UMass Amherst. Al contrastar la estructura (*fastructure*) del AM y de los cultivares argentinos (20 K SNPs), gran parte de las malezas fueron similares a alguno de los cultivares o híbridas entre variedades. Cuando se compararon con las malezas, cultivares y silvestres de otras partes del mundo (100 K SNPs vs. 34 K SNPs, con y sin silvestres), el AM argentino presentó una estructura semejante a la de cultivares del grupo aus, índica e híbridos entre ambos grupos. Además, el ACP agrupó a la mayoría de los AM argentinos junto a los cultivares argentinos. Estos resultados preliminares indicarían que gran parte de los biotipos de AM argentinos evolucionaron a partir de variedades cultivadas en nuestro país.

GPE 18

¿CÓMO FUE LA EVOLUCIÓN DE LOS CARACTERES MORFOLÓGICOS EN *Scoparia* L. (GRATIOLAE-PLANTAGINACEAE)?

Landi M.A.¹, M.M. Sosa¹, J.E. Florentin¹, A.V. Scatigna², M.B. Angulo¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), FaCENA (UNNE), Corrientes, Argentina; ²Departamento de Ciências Biológicas, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, Brazil. E-mail: mauriciolandi99@gmail.com

Scoparia L. es un género monofilético que actualmente pertenece a tribu Gratioleae (Plantaginaceae). La reconstrucción de caracteres ancestrales ha sido utilizada como método de estudio en varios trabajos de filogenia molecular para poder entender el contexto evolutivo de algunos clados y dar un soporte morfológico. El objetivo de este estudio fue identificar caracteres morfológicos de utilidad sistemática que apoyen las relaciones filogenéticas dentro de este género. Para ello se llevó a cabo un mapeo de caracteres estocástico bayesiano a través del programa *Mesquite* v. 3.70. Se seleccionaron doce variables morfológicas discretas vegetativas y reproductivas, usadas tradicionalmente en las claves taxonómicas del género, en base a la revisión de material de herbario, análisis de ejemplares digitalizados y descripciones bibliográficas. Se estimó que el ancestro del género probablemente presentó: hábito sufrútice, perenne, con tallo erecto, glabro, hojas sésiles, enteras, glabras, flores actinomorfas, con 4 pétalos, sépalos glabros y estigma capitado. Si bien algunos caracteres fueron homoplásicos para *Scoparia*, se observaron algunas sinapomorfías como porte herbáceo, hojas sésiles, 4-sépalos glabros, corola actinomorfa y tetrámera, demostrando que apoyan las relaciones dentro del género.

GPE 19

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y ADAPTATIVA A NIVEL GLOBAL DE *Cardiospermum corindum* L.

Mayer J., F. Fortunato, M.C. Brem, J.P. Coulleri. Instituto de Botánica del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: joamayer092@gmail.com

Cardiospermum L. es un género con ocho especies, principalmente americanas. Sin embargo, tres son cosmopolitas y *C. corindum* L. es una de ellas. Nuestros objetivos fueron: 1) determinar qué modificaciones morfológicas acompañaron el proceso dispersivo y 2) cómo actuó la selección natural durante la colonización de nuevos ambientes. Para ello fueron analizados 315 ejemplares de 133 poblaciones, en los cuales se cuantificaron 16 caracteres morfológicos, y se determinaron 19 variables bioclimáticas. Para evaluar la relación entre las poblaciones se realizó un análisis de agrupamiento con distancias euclidianas y un ANOVA para establecer diferencias significativas entre ellas. Para determinar qué caracteres permitían estructurar las poblaciones realizamos un análisis de componentes principales y luego para determinar qué variables climáticas eran las que influían en ellos se realizó un análisis de coordenadas principales. Finalmente, para conocer qué tipo de selección actuó en cada una de las regiones estudiadas se construyeron histogramas de frecuencia para cada carácter considerando ventanas temporales de una década. Nuestros resultados permitieron diferenciar seis regiones entre las cuales existen diferencias entre los caracteres muestreados, principalmente en el área foliar y el tamaño del fruto. En relación al tipo de selección pudo observarse que durante las primeras décadas primó la selección direccional hacia la disminución el área foliar en regiones más secas, la cual en décadas recientes mostró una forma de selección normalizadora, de igual modo se pudo observar en el tamaño del fruto.

GPE 20

PRIMEROS ESTUDIOS GENÉTICO POBLACIONALES DE *Ruprechtia apetala* Weed. (POLYGONACEAE) EN BOSQUES SERRANOS DE CÓRDOBA

Belaus A¹, N.C. De Luca², M.E. Maggi², J.C. Rondan Dueñas¹.
¹Unidad de Biología Molecular, Centro de Excelencia de Productos y Procesos, CEPROCOR, Córdoba, Argentina;
²Unidad de Recursos Fitogenéticos, Centro de Excelencia de Productos y Procesos, CEPROCOR, Córdoba, Argentina.
 E-mail: abelaus@ceprocor.uncor.edu

Ruprechtia apetala es una especie de amplia distribución geográfica, se extiende desde Bolivia, Paraguay, Uruguay hasta el centro de Argentina y habita en regiones sub andinas en el norte y sierras pampeanas al sur. Forma parte de los bosques chaco-serranos en laderas y a la vera de los ríos llegando hasta una altitud de 2000 metros sobre el nivel del mar. Esta especie presenta una amplia variabilidad a lo largo de su distribución, tanto en tamaño (arbustos y árboles) como en la morfología de sus hojas y frutos. Para implementar prácticas de conservación y restauración ecológica es fundamental conocer la variabilidad genética de las especies. El objetivo de este trabajo fue la búsqueda de marcadores moleculares para estudiar la variabilidad genética de *R. apetala*. Para ello se secuenciaron dos regiones de cloroplasto (trnL-trnF, psbA-trnH) amplificadas con cebadores universales y se analizaron once cebadores de marcadores ISSR en tres poblaciones de *R. apetala* de los bosques serranos de Córdoba. Se identificaron dos haplotipos para la región psbA-trnH. Dos cebadores de ISSR analizados presentaron bandas polimórficas. Se planea incluir mayor número de muestras provenientes de distintas regiones de distribución geográfica y emplear otros marcadores, lo que ayudará a determinar la estructura genética y estimar el flujo génico entre poblaciones, permitiendo diseñar estrategias adecuadas de conservación y restauración.

GPE 21

ESTRUCTURA GENÉTICA EN ESPECIES FORESTALES DE BOSQUES SECOS ESTACIONALES NEOTROPICALES: VALOR DEL ESTADÍSTICO S_p Y DE LAS TASAS DE FECUNDACIÓN CRUZADA

Goncalves A.L.^{1,2}, M.V. García^{1,2}, M.E. Barrandeguy^{1,2}, S.C. González-Martínez³, M. Heuertz³. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Universidad Nacional de Misiones (CONICET - UNaM), Misiones, Argentina; ³BIOGECO, INRAE, Univ. Bordeaux, Cestas, France. E-mail: alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

La estructura genética espacial y los parámetros vinculados al sistema de fecundación de especies forestales pueden ser evaluados mediante la estimación del estadístico S_p y de las tasas de fecundación cruzada multilocus t_m . Con el objetivo de evaluar los factores subyacentes a los índices S_p y t_m y sus consecuencias en la configuración de los patrones de dispersión alélica de especies forestales de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales (BSEN), a partir de 59 trabajos publicados entre 2000 y 2020 se extrajeron datos sobre dispersión de propágulos, estadio sucesional, fenología, sistema de fecundación, densidad poblacional, paisaje, parentesco y distancias de dispersión alélica. Estos factores se analizaron mediante una prueba de Kruskal-Wallis. S_p presentó asociación estadísticamente significativa con el sistema de fecundación y con la densidad poblacional, detectándose valores de S_p (fecundación cruzada) $> S_p$ (fecundación mixta) y mayores valores en poblaciones con elevada densidad. t_m presentó asociación estadísticamente significativa con el estadio sucesional, siendo t_m (sucesión tardía) $> t_m$ (pioneras) y con el tipo de dispersión de propágulos, t_m fue mayor en poblaciones de especies anemófilas, así como en aquellas que presentan dispersión de semillas mediada por animales t_m (zoocoria) $> t_m$ (anemocoria) $> t_m$ (autocoria). Estos resultados respaldan el valor de considerar índices que posibiliten el análisis integrado de factores que explican los patrones de dispersión y estructura genética de especies forestales de los BSEN y complementan estudios similares en otros ecosistemas.

GPE 22

FILOGEOGRAFÍA ESTADÍSTICA APLICADA A POBLACIONES DE *Astronium urundeuva* (Allemão) Engl. (ANACARDIACEAE) DE LOS BOSQUES SECOS ESTACIONALES NEOTROPICALES SUDAMERICANOS

Barrandeguy M.E.^{1,2}, M.V. García^{1,2}, D.E. Prado³, S. Caetano-Wyler⁴, Y. Naciri⁵. ¹Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. ²Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas (UNaM - CONICET), Misiones, Argentina; ³UNR e IICAR-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Campo Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. ⁴GBIFCH Collaboratrice Scientifique, INFOFAUNA - CSCF, Neuchâtel, Suiza; ⁵Conservatoire et Jardin botaniques de la Ville de Genève, Chambésy, Ginebra, Suiza. E-mail: euge_barra@hotmail.com

Los Bosques Secos Estacionales Neotropicales (BSEN) en Sudamérica presentan una distribución fragmentada en cuatro núcleos mayores. La hipótesis del Arco Pleistocénico explica el patrón de distribución de un elevado número de especies arbóreas en varios fragmentos de los BSEN. En el primer estudio filogeográfico de amplio rango realizado en los BSEN se analizaron poblaciones de *Astronium urundeuva*, una especie arbórea confinada a estos bosques. A partir de los datos genotípicos obtenidos con nueve microsatélites específicos en 1.124 individuos de *A. urundeuva*, se reanalizaron los datos mediante *Approximate Bayesian Computation* (ABC) para determinar la hipótesis filogeográfica más probable que explique su evolución. Considerando los grupos genéticos Central (CE), Noreste (NE) y Suroeste (SW), identificados mediante un análisis Bayesiano de la estructura genética, se testaron cuatro escenarios considerando diferencias en el tiempo de divergencia, mientras que dentro de cada escenario se plantearon cuatro modelos de divergencia. Se identificó el modelo mejor respaldado dentro de cada escenario y luego entre los escenarios. Se estimaron los valores de los parámetros desde la distribución posterior del modelo más probable. El modelo más probable considera divergencia entre los grupos más distantes NE y SW en el último máximo glacial y divergencia posterior del grupo CE desde el NE en el Holoceno. Estos resultados confirman la hipótesis del Arco Pleistocénico como principal explicación para la distribución actual de los BSEN, basado en la filogeografía de *A. urundeuva*.

GPE 23

POSIBLES CAUSAS AMBIENTALES DE LA VARIACIÓN FENOTÍPICA EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY (*Anadentanthera colubrina* (Vell.) Brenan var. *cebil*) DE ARGENTINA

Bruera C.R.^{1,2}, H.R. Zerda³, M.J. Pastorino^{2,4}, M.V. García^{5,1,2}.

¹Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas (UNaM – CONICET), Misiones, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ³Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Santiago del Estero, Santiago del Estero, Argentina; ⁴Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (INTA – CONICET), Río Negro, Argentina; ⁵Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: camibruera@gmail.com

El curupay (*Anadentanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa que habita los núcleos Misiones (M) y Pedemontano Subandino (PS) de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales en Argentina. Se analizó la morfología de sus hojas, frutos y semillas para determinar la posible combinación de variables ambientales explicativas de la variación fenotípica. Se muestrearon ocho poblaciones naturales en PS y seis en M en las que fueron medidas 13 variables foliares y cinco reproductivas. Para cada población se obtuvieron desde bases públicas los valores de altitud, profundidad del suelo, índice de vegetación y 19 variables bioclimáticas. Se realizaron pruebas t para probar la diferencia entre las medias de cada núcleo, y un Análisis de Redundancia (AR) con las variables ambientales no-colineales. Se probaron diferencias significativas entre M y PS para nueve variables morfológicas y cinco ambientales. El AR ($F=2,38$; $p<0,05$; $N=999$ permutaciones) considerando el mejor modelo ajustado ($Raj=0,45$; $p=0,004$) explicó el 79% de la variación de los caracteres morfológicos. El primer eje (41%) separó las poblaciones de ambos núcleos y quedó explicado por la Temperatura media del trimestre más cálido. Esta variable se correlaciona con las longitudes de los foliolos medio, basal y terminal y la longitud y ancho de la lámina foliar, excepto para las poblaciones de San Ignacio (de M) y Calilegua (de PS) cuyos valores presentaron diferencias en relación al resto de las poblaciones de sus núcleos de procedencia. Estos resultados sugieren una base adaptativa en las diferencias morfológicas y motivan un análisis futuro más detallado incluyendo la variación intrapoblacional.

GPE 24

ANÁLISIS PRELIMINAR DEL IMPACTO DE LA FRAGMENTACIÓN DEL BOSQUE CHAQUEÑO SOBRE LA DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE *Aspidosperma quebracho-blanco* Schldl.

Almirón N.E.A.^{1,2}, G.M. Vía Do Pico¹, G.A. Robledo Dobladez^{1,2}, V.G. Solís Neffa^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias y Exactas y Naturales, Universidad Nacional del Nordeste (FaCENa-UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: emiliaalmiron@yahoo.com.ar

La fragmentación es una de las principales causas de pérdida de biodiversidad de los bosques del Gran Chaco. Evaluar su impacto en la sustentabilidad genética de las especies leñosas clave es fundamental para implementar prácticas eficientes de conservación. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar el impacto de la fragmentación del hábitat en la variabilidad y estructura genética de las cohortes pre (adultos) y post-fragmentación (progenie) de *Aspidosperma quebracho-blanco* Schldl. en bosques con bajo nivel de intervención (Reserva Natural Formosa) y en poblaciones fragmentadas del Chaco Semiárido. Los resultados mostraron que las diferencias entre los valores de variabilidad genética de las cohortes pre y post-fragmentación de las poblaciones analizadas no eran significativas. El AMOVA mostró un aumento del porcentaje de la variación dentro de las poblaciones de 82% a 94%; mientras que el índice R_{hst} disminuyó de 0,18 a 0,06 en las cohortes pre y post-fragmentación, respectivamente. Asimismo, el análisis de la asociación espacial con la variabilidad genética mostró que las poblaciones más vulnerables son las que se encuentran en zonas de categorías II y III según el Ordenamiento Territorial de Bosques Nativos y/o alejadas de áreas protegidas y corredores ecológicos. Estos resultados sumados al hecho que la variabilidad genética detectada no está relacionada con el tamaño de los fragmentos, pero sí con la distancia entre los mismos, y que el flujo génico entre fragmentos es moderado, sugiere que los fragmentos de bosque tendrían un papel relevante en la conservación de la diversidad genética de *A. quebracho-blanco*.

GPE 25

EXPANSIÓN POBLACIONAL DE *Prosopis alba* Griseb. (LEGUMINOSAE) EN SUDAMÉRICA: ESTUDIO FILOGEOGRÁFICO ECOLÓGICO Y MODELOS DE COALESCENCIA BASADO EN cpDNA

Bessega C.¹, C.L. Pometti¹, B.O. Saidman¹, R. Fortunato², C. Santoro³, J.C. Vilardi¹, V. McRostie⁴. ¹EGE - IEGEBA, CONICET - FCEyN, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Botánica Darwinion, CONICET/ANCEFYN, Buenos Aires, Argentina; ³Instituto de Alta Investigación, Universidad de Tarapacá, Chile; ⁴Escuela de Antropología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile. E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

La distribución actual de *Prosopis alba* (algarrobo blanco) en regiones áridas de Chile, Argentina y Bolivia muestra un patrón complejo que dificulta la interpretación de sus posibles vías de expansión. En este trabajo combinamos la información de secuencias de cpDNA (*ndhF-rpl32*) con datos geográficos y ambientales para tratar de interpretar las asociaciones entre las poblaciones dentro de un marco filogeográfico-ecológico. Analizamos una muestra de 29 individuos de *P. alba* provenientes de 12 poblaciones de los países mencionados. Evaluamos los niveles de diversidad molecular, historia demográfica poblacional y realizamos una reconstrucción filogeográfica-ecológica mediante aproximaciones bayesianas y mediante el uso de cadenas de Markov (MCMC). Los resultados permitieron identificar nueve haplotipos. Las pruebas de Tajima ($TD = -1,35$) y Fu ($F_s = -2,36$) resultaron no significativas sugiriendo ausencia de selección. Por su parte, la disparidad entre secuencias o *ruggedness* ($rg = 0,021$) también fue no significativa, compatible con expansión poblacional. El análisis coalescente MCMC indicó que el modelo lineal de crecimiento es el mejor soportado, con un tiempo al antecesor común (TMRA) igual a 0,072. Sobre esta base, es posible estimar 7.000 generaciones de crecimiento. El análisis BPEC (*Bayesian Phylogeographic and Ecological Clustering*) identificó dos *clusters* (grupos) cuya distribución solapa parcialmente en el Desierto de Atacama (Chile) y permite postular que la especie se habría expandido hacia el norte y el oeste a partir del área Chaqueña en Argentina.

GPE 26

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE *Plasmopara halstedii*, CAUSANTE DE MILDIU DE GIRASOL EN ARGENTINA

Martínez A.L., A. Garayalde, F. Quiroz, I. Erreguerena, M. Petruccelli, A. Carrera. CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: almartinez@cerzos-conicet.gob.ar

Estudiar la composición genética de un patógeno contribuye a comprender los procesos de su dispersión y evolución con relación a quiebres de la resistencia del cultivo. El objetivo fue determinar la diversidad genética de aislamientos locales de *Plasmopara halstedii* colectados en cuatro provincias argentinas (años 1997 y 2013-2018). Se analizaron secuencias de ADN de 38 aislamientos (19 de Argentina y 19 de Francia-Estados Unidos-Alemania) de cinco loci ESTs, 42 aislamientos con ocho loci SSR y 24 aislamientos (10 de Argentina y 14 de Francia) con secuencias de dos proteínas efectoras. Para 24 individuos se contaba con información de raza. Se calcularon diversidad alélica y nucleotídica, heterocigosis, coeficientes F y se analizó la estructura poblacional (AMOVA y Structure). Se observó: i) muy reducida o nula presencia de heterocigotas y coeficientes de endogamia elevados concordante con reproducción homotática, ii) diferencias genéticas entre muestras de Argentina y del exterior, iii) efecto del año de colecta sobre la estructuración genética y efectos no significativos de factores región geográfica o raza, iv) incremento de la variabilidad genética hacia años recientes, v) variabilidad molecular intra-raza, vi) uniformidad en secuencias de efectores excepto un polimorfismo local. Lo observado sugiere más de un evento de introducción y/o procesos de mutación/recombinación en el país. El aumento de la variabilidad genética del patógeno en sucesivos ciclos de cultivo concuerda con el proceso observado de intensificación de la enfermedad y la ampliación del número de razas detectadas.

GH

GENÉTICA
HUMANA

HUMAN
GENETICS

GH 1

HALLAZGO POR NGS Y SANGER DE DOS VARIANTES EN EL GEN *MFSD8* EN UNA FAMILIA

Marsa S.M., C. Della Vedova, G. Mendoza, M.E. Vásquez, M.A. Cruseño, O. Sacchi, E. Álvarez Toro, S. Ratti. UNSL y GENES, San Luis, Argentina. E-mail: smarsa@gmail.com

Alteraciones en las secuencias del gen *MFSD8* producen Lipofuscinosis ceroide neuronal tipo 7 (CLN7) por mutaciones en homocigocidad o por mutaciones en heterocigocidad compuesta como es el caso que se presenta. Se realizó la búsqueda de variantes de una paciente de 15 años con Lipofuscinosis. Había alcanzado la sedestación a los seis meses, adquiere la marcha y el lenguaje a los 13 meses. Presentó buena escolaridad hasta 2° grado. A los ocho años tenía buen desempeño en matemática y comenzó a tener problemas de lenguaje. Luego continuó hasta los 13 años con educación diferencial. A los 14 años dejó de caminar y sufrió una disminución brusca de la visión. En este momento presentó disfagia que le causó neumonía aspirativa. No hablaba y no focalizaba la mirada. Se realizó secuenciación por NGS y luego se corroboraron las variantes encontradas por Sanger para lo cual se realizó diseño de *primers* flanqueantes y amplificación por PCR. Las variantes encontradas fueron: *MFSD8* (NM_152778.3) c.1394 G>A (p.Arg465Gln) en el exón 13 y *MFSD8* (NM_152778.3) c.863+4 A>G en el intrón 10. Se buscaron ambas variantes en los padres. En la madre se encontró presencia de la misma variante en el exón 13 y en el padre no. Luego se procedió a la búsqueda de la variante intrónica en los padres y no se halló en ninguno de ellos, por lo cual se llega a la conclusión que la variante del intrón 10 es una variante *de novo* y por la posición de la misma esta variante altera el *splicing* del intrón. La presencia de ambas variantes explica la clínica observada en la paciente. Los resultados obtenidos en los padres permitieron realizar el asesoramiento genético correspondiente.

GH 2

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DEL MÓDULO RCCX EN PACIENTES CON DEFICIENCIA DE 21-HIDROXILASA EN ARGENTINA

Claps A., C.S. Fernandez, C.D. Bruque, S. Belli, M. Stivel, T. Pasqualini, M. Delea, L. Espeche, L.B. Dain, M.I. Taboas. Centro Nacional de Genética Médica (CNGM), ANLIS "Dr. Carlos Malbrán" Buenos Aires, Argentina. E-mail: aldanaclaps@gmail.com

El gen *CYP21A2* codifica la enzima 21-hidroxiilasa; su deficiencia es la principal causa de Hiperplasia Suprarrenal Congénita (HSC). El gen se ubica en 6p21.3 en el módulo RCCX, formado por los genes y pseudogenes *RP1-C4-CYP21-TNX*. En humanos este módulo se encuentra generalmente duplicado (bimodular) conteniendo un gen *CYP21A2* y un pseudogen *CYP21A1P* con 98% de identidad de secuencia en cada copia. Como consecuencia, es posible el entrecruzamiento desigual durante la meiosis lo que genera la eliminación o la duplicación del gen y/o del pseudogen. El objetivo de este trabajo fue el análisis de la estructura del módulo RCCX en pacientes con HSC de la población argentina. Se analizaron 314 pacientes: 226 por *Southern-blot* (SB, 34 de ellos también por MLPA) y 88 por MLPA, con un total de 611 alelos no relacionados. Se hallaron 11 haplotipos y 24 genotipos distintos. Los haplotipos más frecuentes para pacientes estudiados por SB y MLPA, respectivamente, fueron el módulo RCCX estándar bimodular (50,8 y 43,3%) y un módulo RCCX con *CYP21A1P* duplicado (34,6 y 44,6%). Los genes quiméricos representan el 4,6 y el 5,7% respectivamente, mientras que los haplotipos que portan un gen *CYP21A2* duplicado representan el 1,1 y el 1,9 % de los alelos analizados por SB y MLPA, respectivamente. Los genotipos más frecuentes fueron RCCX bimodular en ambos alelos, homocigotas para RCCX trimodular con la duplicación de *CYP21A1P*, y heterocigotas compuestas con RCCX bimodular/trimodular con duplicación de *CYP21A1P*. Los datos proporcionados aportan conocimiento de la región RCCX en pacientes de Argentina.

GH 3

REPORTE DE UN CASO DE MIOPATÍA DE BETHLEM ASOCIADO AL GEN COL6A3

Llames Massini C., M. Carcione, C. Mazzanti, L.N. Luce, M. Bollana, T. Visconti, F. Giliberto. Laboratorio de Distrofinopatías, Cátedra de Genética, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, CABA, Argentina. E-mail: carllames@gmail.com

Las distrofias musculares (DM) son un conjunto de enfermedades hereditarias poco frecuentes que causan debilidad y degeneración progresiva del músculo esquelético. Dado que los síntomas clínicos de las DM se solapan entre sí, es fundamental realizar estudios moleculares para obtener un diagnóstico diferencial y así establecer el estándar de cuidado. Se describe el caso de una madre y dos hijos con sintomatología compatible con miopatía hereditaria, debilidad de cinturas y cicatrización en queloide. El objetivo fue identificar la alteración genética asociada a su cuadro clínico. Se realizaron estudios de secuenciación de exoma completo (WES), filtrado de variantes, secuenciación de Sanger y segregación intrafamiliar de variantes candidatas. A partir de WES, se halló una variante en COL6A3, cuyas alteraciones se asocian a cuadros de DM de cinturas de herencia autosómica dominante y recesiva. Se identificó una variante *missense* NM_004369.3:c.6185G>A en COL6A3, reportada dos veces en LOVD3, clasificada como patogénica, y ausente en gnomAD. Además, predictores bioinformáticos determinaron un efecto deletéreo. Los estudios de segregación intrafamiliar identificaron la variante en los tres individuos en estudio concordante con un modo de herencia autosómico dominante. Para concluir, las evidencias detalladas permitieron asociar a la variante en COL6A3 con la clínica familiar. Se resalta la importancia de utilizar programas predictores y bases de datos en conjunto con estudios de segregación para alcanzar un diagnóstico certero.

GH 4

MODIFICADORES MOLECULARES QUE ALTERAN LA PROGRESIÓN DE LA ENFERMEDAD EN PACIENTES CON DISTROFINOPATÍA

Mazzanti C., M. Carcione, L.N. Luce, M. Bollana, C. Llames Massini, T. Visconti, F. Giliberto. Laboratorio de Distrofinopatías, Cátedra de Genética, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, CABA, Argentina. E-mail: chiari93@gmail.com

Existe heterogeneidad clínica entre pacientes con distrofia muscular de Duchenne (DMD), evidenciándose una amplia variabilidad en la edad de comienzo de los síntomas y en la pérdida de ambulación entre individuos con expresión nula de distrofina. Esto sugiere la existencia de variantes en otros genes que estarían potenciando o disminuyendo la progresión de la enfermedad, es decir, la presencia de modificadores moleculares. Estudios señalan como la causa de estas variaciones fenotípicas a variantes en los genes *SPP1*, *LTBP4*, *CD40* y *ACTN3*. Se caracterizaron estos modificadores en una cohorte argentina con DMD y se validó su valor pronóstico. Se conformaron dos grupos de fenotipos extremos con 54 pacientes. El primero de 30 pacientes con pérdida de la ambulación antes de los 11 años (fenotipo severo). El segundo con 24 pacientes que han perdido la ambulación a edades iguales o mayores a 15 años (fenotipo leve). Se evaluaron variantes en *SPP1*, *LTBP4*, *CD40* y *ACTN3* mediante PCR-Sanger. La única variante que mostró una diferencia significativa mediante el test de χ^2 entre ambos grupos fue la de *ACTN3*. Los resultados indicarían que la variante rs1815739 en *ACTN3* actúa como modificador para DMD. La importancia del análisis de estos modificadores moleculares radica en comprender el origen de la variabilidad fenotípica entre individuos afectados con esta patología. Esto permitirá mejorar el diseño y evaluación de los ensayos clínicos, como así también abrir el camino al desarrollo de nuevos blancos moleculares para terapia génica.

GH 5

LA IMPORTANCIA DE LOS ESTUDIOS MOLECULARES PARA ALCANZAR UN DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE DISTROFIAS MUSCULARES

Bollana M., M. Carcione, C. Mazzanti, L.N. Luce, C. Llamas Massini, T. Visconti, F. Giliberto. Laboratorio de Distrofinopatías, Cátedra de Genética, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, CABA, Argentina. E-mail: maquibollana@gmail.com

Las distrofias musculares (DM) son un conjunto de enfermedades hereditarias poco frecuentes. Los síntomas clínicos de estas DM se solapan entre sí, dificultando el diagnóstico diferencial que es de suma importancia para establecer el estándar de cuidado. Nos enfocaremos en el gen *CAPN3* que se encuentra asociado a DM de cinturas de herencia tanto autosómica dominante como recesiva. Frecuentemente es diagnosticada erróneamente como una distrofinopatía, causada por alteraciones en el gen *DMD*. El objetivo fue detectar alteraciones moleculares en genes asociados a DM en pacientes con diagnóstico clínico de distrofinopatía pero sin mutación hallada en *DMD*, y determinar su patrón de herencia. Se analizaron por secuenciación de exoma completo seis pacientes varones con diagnóstico clínico presuntivo de distrofinopatía, sin alteraciones detectadas en *DMD*. Se continuó el análisis de genes de DM. De los seis varones analizados se encontraron dos variantes en *CAPN3* en cinco de ellos (83,3%) y una alteración en el caso restante (16,7%). Se realizó una segregación intrafamiliar para dos pacientes de los que se contaba con muestras de familiares. Pudimos determinar que cinco de los pacientes presentarían un modo de herencia autosómico recesivo y uno dominante. El presente trabajo remarca la importancia de ampliar la búsqueda de variantes a genes asociados a DM, ya que por el solapamiento de síntomas el diagnóstico clínico se dificulta. Es de suma importancia realizar estudios moleculares para alcanzar un diagnóstico diferencial que lleve a un correcto asesoramiento genético y un estándar de cuidado adecuado.

GH 6

LA INTERPRETACIÓN DE DATOS DE NGS PARA ALCANZAR UN DIAGNÓSTICO EN PACIENTES CON DISTROFIA MUSCULAR

Carcione M., C. Mazzanti, L.N. Luce, M. Bollana, C. Llamas Massini, T. Visconti, F. Giliberto. Laboratorio de Distrofinopatías, Cátedra de Genética, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, CABA, Argentina. E-mail: maquibollana@gmail.com

Las distrofias musculares (DM) son un conjunto de enfermedades hereditarias poco frecuentes que ocasionan debilidad y degeneración progresiva del músculo esquelético. Las DM más frecuentes son las distrofinopatías, causadas por alteraciones moleculares en el gen *DMD*. Por el solapamiento de síntomas con otras DM, en los casos donde no se encuentra la alteración en el gen *DMD* podría estar afectado otro gen asociado a DM. El objetivo fue alcanzar un diagnóstico diferencial en pacientes con DM con el fin de poder establecer el estándar de cuidado. Se analizaron 191 pacientes con diagnóstico clínico presuntivo de distrofinopatía mediante secuenciación de exoma completo (WES). Se utilizaron programas bioinformáticos y herramientas de modelado molecular. Se halló la variante de secuencia causante de patología en el gen *DMD* en 149 de los pacientes analizados, alcanzando una tasa de detección del 78%. Ciertas variantes fueron analizadas con programas bioinformáticos y se realizó modelado de las proteínas para establecer su patogenicidad. Se encontraron errores en el llamado de algunas variantes al analizar los datos crudos de WES. Se aumentó la tasa de detección de alteraciones moleculares al 92% al analizar otros genes asociados a DM. Finalmente, este trabajo demostró distintas estrategias para uno de los mayores desafíos en la interpretación de datos de WES que es la validación del efecto patogénico de variantes, resaltó la importancia del análisis de datos crudos de WES y permitió caracterizar con una alta tasa de detección la población argentina afectada con DM.

GH 7

DISTROFIA MUSCULAR DE CINTURAS: DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE DOS HERMANAS GEMELAS

Visconti T., C. Mazzanti, M. Carcione, L.N. Luce, M. Bollana, C. Llamas Massini, F. Giliberto. Laboratorio de Distrofinopatías, Cátedra de Genética, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, CABA, Argentina. E-mail: trianavisconti@gmail.com

Las Distrofias Musculares (DM) son un grupo heterogéneo de enfermedades genéticas que causan degeneración y debilidad progresiva del músculo esquelético, causadas por alteraciones moleculares en genes que codifican a proteínas estructurales o necesarias para la estabilidad y el correcto funcionamiento de las fibras musculares. Dentro de ellas se encuentra la distrofia muscular de cinturas (LGMD). Este trabajo relata el caso de dos gemelas de siete años que presentaban una sospecha clínica de LGMD. El objetivo fue identificar la alteración molecular asociada al cuadro clínico. El algoritmo diagnóstico se basó en un estudio de secuenciación de exoma completo, filtrado de variantes de los genes asociados a LGMD, secuenciación de Sanger y segregación intrafamiliar de la variante candidata. Se halló una variante *missense* NM_001848.2:c.868G>A en el gen *COL6A1*, en heterocigosis. Dicha sustitución no se encuentra reportada en *gnomAD*, pero sí en la base de datos de LOVD3, asociada a pacientes con LGMD y clasificada como patogénica. Variantes en *COL6A1* se encuentran asociadas a LGMD de herencia autosómica dominante y recesiva. Para corroborar el modo de herencia se realizó una segregación intrafamiliar. Se determinó que las gemelas son las únicas portadoras de la alteración en estudio. Para concluir, se identificó la alteración molecular asociada al caso, tratándose de una variante *de novo* concordante con un modo de herencia autosómico dominante. Finalmente, se destaca la eficacia del algoritmo diagnóstico utilizado para la detección de variantes causantes de patología.

GH 8

UNA NUEVA METODOLOGÍA DE SEPARACIÓN DE CÉLULAS PLASMÁTICAS. SU IMPORTANCIA EN LA CARACTERIZACIÓN CITOMOLECULAR DEL MIELOMA MÚLTIPLE

Stella F., S. Zurita, C. Galvano, S. Lopresti, M.B. Venegas, J. Lanari, I. Slavutsky. Escuela Superior de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad de Morón, Buenos Aires, Argentina. E-mail: fla_stella@yahoo.com.ar

El mieloma múltiple (MM) es una neoplasia de células plasmáticas (CP), caracterizada por infiltración de plasmocitos clonales $\geq 10\%$ en la médula ósea (MO) y producción de una paraproteína monoclonal en suero y/u orina. Corresponde a $\sim 10\%$ de los cánceres hematológicos. El MM está asociado a numerosas anomalías citogenéticas con significado clínico y riesgo de progresión, siendo la técnica de FISH sobre CP separadas la de mayor utilidad para su detección. En este trabajo validamos una nueva metodología de separación de CP mediante selección negativa empleando RosetteSep Human Multiple Myeloma Cell Enrichment Cocktail (Stemcell Technologies, Canadá), y evaluamos su impacto en la detección de las anomalías citogenéticas del MM. Se analizaron muestras de MO de 32 pacientes. Se efectuó la validación por citometría de flujo (CMF) y recuento por morfología sobre frotis teñidos con Giemsa pre- y post-selección. Se empleó la sonda TP53 (17p13; Cytocell, UK) contando al menos 200 núcleos interfásicos por muestra. En todos los casos se corroboró un enriquecimiento de CP post-selección con un incremento mayor al 80%, reteniendo el mismo fenotipo celular y proporción entre CP normales y aberrantes. La evaluación de la delección de TP53 por FISH mostró una mayor sensibilidad aumentando la proporción de células patológicas en estas muestras (n=30; media: $19,7\% \pm 4,8$) vs. MO entera (n=42; media: $7,2\% \pm 0,4$). Este método rápido, fácil de usar y sin el uso de equipamiento especial, permitirá mejorar el diagnóstico y la estratificación de riesgo del MM, con la importancia que esto tiene en la práctica clínica.

GH 9

PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA EN ARGENTINA

Varela L., M. Méndez, G. Cerbino, F. Colombo, V. Melito, A. Buzaleh, M. Rossetti, V.E. Parera. Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP), CABA, Argentina. E-mail: lauravarela0@gmail.com

La Porfiria Cutánea Tardía (PCT) es la porfiria más común en Argentina (1:20.000) y se produce por deficiencia en la Uroporfirinógeno decarboxilasa (URO-D). Hay dos tipos principales de PCT: PCT-A (adquirida) y PCT-H (hereditaria). La PCT-H se transmite en forma autosómica dominante con baja penetrancia y la actividad de URO-D está reducida 50%. La PCT se asocia a factores desencadenantes: consumo de alcohol, hormonas y sobrecarga de hierro. El objetivo fue analizar los pacientes diagnosticados en el CIPYP con el fin de caracterizar la PCT en nuestro país. El diagnóstico se realizó bioquímicamente y se identificó la variante patogénica en el gen *UROD* (NM_000190.4). Del total de casos, 92% fueron PCT-A; 3,7:1 hombre:mujer. En PCT-H, 179 fueron sintomáticos y 43 latentes, en una relación 1,3:1 hombre:mujer en ambos casos. El 16,4% de los PCT eran VIH+, 34% VCH+ y 4,3% tenían Hemocromatosis (HH). Se detectaron 45 variantes patogénicas diferentes, de las cuales 16 se reportaron por primera vez en el CIPYP. El 27% portaba c.10-12insA, la más frecuente en el país. Diagnosticamos 25 casos de PCT infantil, portadores de c.10-12insA (32%). Se ha encontrado asociación entre la PCT y la infección con VIH y VCH. No se ha encontrado relación entre la HH y la manifestación de la PCT. Se detectó la variante c.10-12insA con alta frecuencia en población adulta e infantil. Dado que existen factores desencadenantes, el diagnóstico genético familiar es de suma importancia para permitir el asesoramiento médico acerca del contacto con dichos agentes para evitar así su expresión clínica.

GH 10

INFLUENCIA DE LA VARIANTE NM_004827.3(ABCG2):c.34G>A (p.Val12Met) DEL GEN ABCG2 EN EL DESENCADENAMIENTO DE LA PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA Y VIH

Zuccoli J.R. Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP), UBA-CONICET, Hospital de Clínicas, Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CABA, Argentina. E-mail: johannazuccoli@hotmail.com

El gen *ABCG2* codifica para BCRP (“resistente al cáncer de mama”) que participa en el transporte de fármacos y hemo. Los SNV NM_004827.3:c.34G>A y NM_004827.3:c.421C>A afectan la expresión de la proteína. La Porfiria Cutánea Tardía (PCT), debida a una deficiencia en la Uroporfirinógeno decarboxilasa, se desencadena por fármacos (antirretrovirales), alcohol, drogas de abuso y virus hepatotróficos. En Argentina, 16% de PCT están infectados con VIH. Previamente se demostró que variantes del transportador *ABCB1*, misma familia que *ABCG2*, influirían en el desencadenamiento de PCT en individuos VIH. Resultados similares se observaron cuando se estudió la variante c.421C>A del gen *ABCG2* en la misma población. El objetivo fue continuar estudiando la variante c.34G>A (rs2231137) de *ABCG2* en individuos control, VIH, PCT y PCT-VIH (n=20/grupo). La genotipificación se realizó por secuenciación directa. En PCT-VIH y PCT la frecuencia de A (0,21) fue similar al control (0,20) y mayor que en VIH (0,17). Comparando los datos de los pacientes con valores controles de 1000Genomes, hubo diferencias significativas con la frecuencia de la población control sudamericana (0,08) pero no con la global (0,16). El análisis genotípico mostró menor frecuencia en heterocigosis (GA, 40%) vs. homocigosis (60-65%) (GG) en todos los grupos. El genotipo AA sólo se detectó en PCT-VIH y PCT (7,1%), lo que indicaría su asociación con la manifestación de PCT. La evaluación en conjunto de los resultados obtenidos para *ABCB1* y *ABCG2* permitirá establecer el rol de los transportadores de drogas en la asociación PCT-VIH.

GH 11

ABORDAJE GENÉTICO DE LAS PORFIRIAS: COMPLEMENTACIÓN MEDIANTE EL USO DE BASES DE DATOS

Pagnotta P.^{1,2}, J. Zuccoli³, V. Melito^{2,3}, M.L. Buscalia³, V. Parera³, A.M. Buzaleh^{2,3}. ¹Instituto de Biología y Medicina Experimental (IBYME), CABA, Argentina; ²Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CABA, Argentina; ³Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP), UBA-CONICET, Hospital de Clínicas, CABA, Argentina. E-mail: anabuza@hotmail.com

Las Porfirias son enfermedades metabólicas debidas a por alteraciones en la biosíntesis del Hemo. Existe elevada asociación entre Porfiria Cutánea Tardía (PCT) adquirida y VIH. En la Porfiria Aguda Intermitente (PAI) la mutación no es suficiente para su manifestación. Previamente se demostró que el rol de variantes del sistema metabolizante (Glutation S-transferasa, GST) y transportadores de drogas (*ABCB1*) en su desencadenamiento y en la asociación de PCT-VIH. El objetivo fue utilizar bases de datos: 1000Genomes, Pubmed, Scielo, PharmGKB, Gen Expression Omnibus (GSE44228), UniProt, Ensembl y GenBank para complementar este estudio. Los datos experimentales del grupo control coincidieron con 1000Genomes y el metaanálisis (PRISMA). En individuos con variantes de *ABCB1* y *GST*, se identificó un posible aumento de toxicidad de los tratamientos para VIH: Efavirenz y Nelfinavir (rs1045642), Atazanavir (rs2032582), Nevirapina (rs1045642; Presencia, *GSTM1*). Individuos tratados con inhibidores de proteasas respecto a inhibidores no nucleósidos de transcriptasa reversa, presentaron menor expresión de *ABCB1* (FC=0,83; p adj<0,05) y expresión diferencial de 17 *ABCs* (65% sobreexpresados) y 11 *GSTs* (64% subexpresados). En PAI hay casos de toxicidad asociada a drogas contraindicadas y las variantes: rs1045642 (12), rs1128503 (2), rs2032582 (2), *GSTT1 nulo* (3), *GSTM1 nulo* (8) y rs1695 (7). Con esta complementación se aumentaron las evidencias sobre el rol de variantes genéticas en la asociación PCT-VIH y la manifestación de PAI, reforzando la importancia de avanzar hacia la medicina personalizada.

GH 12

ESTUDIO DE LA DETERMINACIÓN GENÉTICA DEL COLOR DE CABELLO EN POBLACIÓN BONAERENSE: RESULTADOS PRELIMINARES

Nowik M.¹, L. Pérez Meyer², D.M. Hohl¹, R. González¹, M.G. Méndez³, C.I. Catanesi^{1,3}. ¹Laboratorio de Diversidad Genética, IMBICE (CONICET-UNLP-CIC), La Plata, Argentina; ²Universidad Nacional San Antonio de Areco, San Antonio de Areco, Buenos Aires, Argentina; ³Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, La Plata, Argentina. E-mail: magalinowik27@gmail.com

El color del cabello y de los ojos son rasgos fenotípicos observables determinados por un conjunto de genes variables entre individuos y entre poblaciones. El análisis de dichos genes permite predecir con cierta probabilidad la apariencia física de un individuo (fenotipado) a partir de vestigios biológicos tomados de una escena de un delito, o de restos esqueléticos contemporáneos o antiguos. Los estudios en europeos no son directamente aplicables a la población argentina, que cuenta con diversos componentes (euroasiático, autóctono y/o subsahariano) en su ancestría individual, y la asociación genotipo-fenotipo puede ser diferente. Sin embargo, esta variación genética ha sido escasamente estudiada, por lo cual se inició un análisis de genes que influyen en la determinación del color del cabello. A partir de 98 muestras de saliva de individuos bonaerenses se extrajo ADN con proteinasa K y LiCl y se amplificaron seis variantes de secuencia de los genes *TYR*, *OCA2*, *SLC45A2*, *PIGU* y *ASIP*. Uno de estos marcadores fue monomórfico y dos de los restantes no se ajustaron al EHW. Se halló diferenciación moderada con poblaciones mexicana y española (Fst=14,2% y 15,9%) y más elevada con italiana (toscana) y peruana (Fst=20,2% y 20,5%). La estimación de OR (regresión logística, $\alpha=0,05$) no mostró asociación genotipo-fenotipo. Los resultados podrían entenderse por el aporte genético que ha recibido y recibe nuestra población de muchas procedencias diferentes. El avance de estas investigaciones podría contribuir a la identificación de personas en el marco de investigaciones forenses y arqueológicas.

GM

**GENÉTICA
MÉDICA**

**MEDICAL
GENETICS**



GM 1

CÁNCERES FAMILIARES Y DETECCIÓN DE MUTACIONES PREDISONENTES A PARTIR DEL ANÁLISIS DEL GENOGRAMA DE PACIENTES CON OTRO MOTIVO DE CONSULTA GENÉTICA

Ratti S.G.^{1,2}, A. Cruseño^{1,2}, O. Sacchi³, E.O. Álvarez¹, M. Vázquez⁴, G. Mendoza^{4,5}, C. Della Vedova^{4,5}, S. Marsá^{4,5}. ¹Laboratorio de Epigénesis y Neuropsicofarmacología Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Católica de Cuyo, sede San Luis, San Luis, Argentina; ²Hospital San Luis, San Luis, Argentina; ³IMBECU, CONICET, Mendoza, Argentina; ⁴Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina; ⁵GENES, Laboratorio de Genética y Biología Molecular, San Luis, Argentina. E-mail: silratti@gmail.com

El genograma es una herramienta indiscutible en la consulta genética que actualmente permite la detección de la predisposición hereditaria al cáncer familiar y su estudio molecular para un correcto asesoramiento. El objetivo del presente trabajo fue presentar un caso en el que se detectaron mutaciones predisponentes a cáncer familiar en una familia, que acude a la consulta y cuyo propósito es un niño de 4 años que presenta malformaciones congénitas. La madre del propósito desarrolló cáncer de tiroides a los 30 años, cuatro años antes de la consulta por su hijo. Después del asesoramiento se solicitó el estudio molecular de panel de genes para cánceres familiares a la madre y de exoma orientado a malformaciones al hijo. Se identificaron mutaciones heterocigotas en los genes *MSH2* y *MUTYH*. El resultado del exoma fue negativo. Se realizó, posteriormente estudio de *microarrays* CGH, donde se identificó la mutación siguiente: deleción en 18q.22.1 de los genes *CDH7*, *CDH19*, *MIR5011*, *DSEL*, *LOC643542* y *LINC01903*. Se sabe que *CDH19* y *CFH7*, aunque informadas por el laboratorio como variantes de significado incierto, son genes que transcriben glicoproteínas cadherinas candidatas principales para genes supresores de tumores. De acuerdo a estos resultados, se concluye que: (1) la deleción en el propósito no se pudo relacionar con su fenotipo; (2) se detectó doble mutación que predispone al desarrollo del cáncer y fundamentó el asesoramiento genético a la madre del propósito; (3) la evidencia encontrada en el propósito alerta un seguimiento para detección precoz del cáncer en el niño.

GM 2

ANÁLISIS *IN SILICO* DE LA ONCOPROTEÍNA E6 DEL VIRUS PAPILOMA HUMANO TIPO 16 (VPH16) DE LA PROVINCIA DE MISIONES

Frutos Bottega D.R.¹, M.E. Totaro¹, D.J. Liotta^{1,2}, C.P. Modenutti^{3,4}, M.D. Gamarra³, I. Badano^{1,4}. ¹Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, InBioMis-FCEQyN-UNaM, Misiones, Argentina; ²INMeT-ANLIS, Misiones, Argentina; ³Departamento de Química Biológica IQUIBICEN-CONICET-FCEN-UBA, CABA; ⁴CONICET. E-mail: dayanafrutos@gmail.com

La oncoproteína E6 del Virus Papiloma Humano tipo 16 ha sido objeto de ensayos *in silico* vinculados al diseño de inhibidores en el tratamiento del cáncer cervical (CC). El objetivo fue modelar variantes de E6 obtenidas de muestras de Misiones, y aportar información sobre las interacciones con su principal blanco biológico, la proteína p53. A tal efecto, se analizaron 112 secuencias del gen *E6* publicadas por el grupo, y se modelaron las estructuras utilizando Swiss-Model. Se consultaron las bases de datos PDB y PaVE para buscar estructuras cristalográficas de E6 (E6 PDBID: 4XR8) a fin de ser comparadas con los modelos mediante VMD. Se identificaron siete variantes, dos de ellas participan en interacción directa con p53 (Q14H y D25N), las demás están involucradas en la interacción con el motivo LxxLL de E6AP (R10G, F69L, H78Y y L83V), clave en el reclutamiento de p53. Las distancias entre los aminoácidos se calcularon en Amstrongs (Å). El polimorfismo L83V, considerado más riesgoso en la progresión patológica, se encontró en el bolsillo de unión a E6AP. Este polimorfismo no interacciona directamente (distancias > 6Å) ni altera la naturaleza hidrofóbica pero, al ser la valina menos voluminosa, podría aportar flexibilidad contribuyendo a la estabilización de LxxLL y facilitando el reclutamiento de p53. En conclusión, si bien L83V no interacciona directamente con E6AP podría facilitar el reclutamiento de p53, aumentando el riesgo de CC. Este tipo de estudios contribuye a la generación de una base de datos necesaria para el diseño de fármacos asociado a la terapia contra el cáncer de etiología viral por VPH16.

GM 3

GENES DE MODERADA PENETRANCIA ASOCIADOS A CÁNCER HEREDITARIO EN UNA MUESTRA DE PACIENTES DE LAS PROVINCIAS DE CÓRDOBA, MENDOZA Y NEUQUÉN

Mampel A.^{1,2,3}, S. Avila^{4,5}, N. Rossi^{6,7}, C.D.C. Montes^{8,9,10}, L.M. Vargas Roig^{5,11}.¹Instituto de Genética, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina; ²Hospital Universitario, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina; ³Centro Oncológico Regional Mendoza, Mendoza, Argentina; ⁴Hospital Provincial de Neuquén, Dr. E. Castro Rendón, Neuquén, Argentina; ⁵Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Neuquén, Argentina; ⁶Fundación para el Progreso de la Medicina, Córdoba, Argentina; ⁷Sanatorio Allende, Córdoba, Argentina; ⁸Facultad de Medicina, Instituto Universitario de Ciencias Biomédicas de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁹Instituto Modelo de Ginecología y Obstetricia, Córdoba, Argentina; ¹⁰Hospital de Niños de la Santísima Trinidad de Córdoba, Argentina; ¹¹IMBECU, CCT CONICET Mendoza, Mendoza, Argentina. E-mail: mampelalejandra@gmail.com

En la última década la secuenciación de paneles multigénicos ha identificado variantes en genes implicados a una mayor susceptibilidad a desarrollar cáncer. Entre las de alto riesgo están *BRCA1*, *BRCA2*, *PTEN*, *PALB2* y *TP53* asociadas a cáncer de mama/ovario. Entre las variantes de moderada penetrancia se incluye *CHEK2*, *ATM*, *RAD51D* y, entre las de baja penetrancia, *RAD51C*, *BRIP1*, *NBN*, *MUYTH* y *MLH1*. El objetivo de este trabajo es presentar las variantes patogénicas en genes de moderada y baja penetrancia, detectadas en un grupo de pacientes con criterios para cáncer de mama/ovario hereditario que concurren para asesoramiento genético oncológico, en tres provincias argentinas. Se analizaron los resultados de 44 paneles multigénicos realizados por NGS. Del total, 42 eran casos índices adecuados, 40 presentaban cáncer de mama y dos de ellos cáncer de ovario. Los dos inadecuados estaban asociados a cáncer de mama. La edad promedio al diagnóstico fue 36,5 años. Las variantes de mayor frecuencia fueron *ATM* (36,5%), *CHEK2* (29,26%), con edad promedio de diagnóstico, en ambos, de 45 años. Las otras variantes identificadas incluían *BRIP1*, *RAD51C*, *MUTYH*, *NBN*, *NTHL1*, *CDH1*, *FANCM* y *RECQL4*. Se detectaron cinco heterocigotas dobles, tres asociados a genes de alta penetrancia. Estos hallazgos muestran la importancia del diagnóstico clínico-molecular para la implementación de estrategias de seguimiento, como el inicio de los estudios por imágenes y la necesidad de realizar en ellas un seguimiento prospectivo para reevaluar a mediano y largo plazo medidas individuales y familiares más apropiadas.

GM 4

HETEROCIGOSIDAD COMPUESTA PARA *RYR1* APOYA DIAGNÓSTICO PRESUNTIVO DE MIOPATÍA CONGÉNITA AUTOSÓMICA RECESIVA EN CASO COMPLEJO DE AFECCIÓN NEUROMUSCULAR

Carrero Valenzuela R.D., M.H. Hurtado, M.G. Vizoso Pinto, A. Germain. Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina. E-mail: roque.carrero@gmail.com

La investigación familiar puede ayudar a precisar la base genética de un cuadro clínico, incluso en casos esporádicos. Se estudió a familiares asintomáticos de una paciente con una afección neuromuscular compleja, en quien, investigando 330 genes asociados a neuropatías o desórdenes neuromusculares, se habían hallado dos variantes significativas en *RYR1* y otras de significado incierto (VUS) en otros genes. Para establecer si variantes del mismo gen coexistían en *cis* o en *trans* en los ascendientes directos de la propósito, previo consentimiento informado, se analizó *RYR1* y genes con VUS mediante secuenciamiento masivo paralelo. El padre y el abuelo paterno resultaron heterocigotas para la probablemente patogénica c.3535C>T(p.Arg1179Trp) en *RYR1*, y la madre y el abuelo materno lo fueron para la patogénica c.14731G>A(p.Glu4911Lys), definiendo así sendos alelos. Lo mismo ocurrió con las VUS c.1603T>G(p.Ser535Ala) y c.2330C>T(p.Ala777Val) en *SCN9A*, respectivamente halladas en el padre y la abuela paterna, y en la madre y el abuelo materno. Las demás VUS estaban en heterocigosis en padres y abuelos de la paciente. A diferencia de las VUS, las variantes de *RYR1* son relevantes: la patogénica ha sido vinculada a miopatías nucleares autosómicas, y la probablemente patogénica a entidades congénitas recesivas dentro del mismo grupo. La heterocigosis compuesta de la paciente y la indemnidad de sus familiares heterocigotas clásicos, apoyan el diagnóstico de miopatía congénita autosómica recesiva y explican parcialmente el fenotipo. Completar el diagnóstico requerirá estudios adicionales.

GM 5

A PROPÓSITO DE UN CASO DE MIOPATÍA CONGÉNITA: ESTUDIOS MOLECULARES COMO HERRAMIENTAS QUE FACILITAN EL DIAGNÓSTICO EN EL RECIÉN NACIDO HIPOTÓNICO

San Rame V.M, M.S. Justoni, A.L. Damia, S.M. Castro Monsonis. Sala de Genética, HIAEP Sor María Ludovica, La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: valesanrame@gmail.com

Las miopatías congénitas (MC) son un amplio grupo de trastornos musculares, poco frecuentes, genéticamente heterogéneos con manifestaciones clínicas solapadas. La miopatía miotubular/centronuclear (XL-MTM) es de herencia ligada al cromosoma X, recesiva, debida a variantes patogénicas en *MTM1* que codifica miotubularina. Afecta severamente a varones, las mujeres portadoras son asintomáticas o asocian el antecedente de abortos. Con la presentación de un caso buscamos evidenciar la importancia del acceso a estudios moleculares. Se realizó examen físico, genealogía y estudios complementarios. Se trata de un neonato masculino con hipotonía, hiporreactividad, facies miopática, criptorquidia, evento hipóxico isquémico perinatal, CPK y EEG alterados. Se destaca el antecedente de polihidramnios y escasos movimientos fetales. Es el único hijo de pareja sana, no consanguínea, con antecedente materno de un aborto espontáneo. Ante la sospecha de entidad neuromuscular se realizó panel de genes por secuenciación. Se detectó una variante patogénica en hemicigosis en *MTM1*: c.141_144del (p.Glu48Leufs*24) asociada con XL-MTM. En la madre se halló la variante en heterocigosis. Las MC se sospechan por la clínica y los antecedentes. A menudo el diagnóstico se sustenta en hallazgos histopatológicos no patognomónicos por lo que, actualmente, los estudios genéticos son el *Gold Standard*. Con el presente caso ilustramos la importancia del acceso a los mismos para acortar el tiempo en arribar al diagnóstico específico, prescindir de estudios cruentos, planificar un correcto abordaje multidisciplinario y un adecuado asesoramiento familiar.

GM 6

EPIDEMIOLOGÍA DESCRIPTIVA DE HIPOSPADIAS EN ARGENTINA

Ripodas S., P. Brun², H. Aiello^{2,3}, B. Groisman², R. Liascovich², P. Barbero², M.P. Bidondo². ¹Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS Malbrán, Ministerio de Salud, Argentina; ²Red Nacional de Anomalías Congénitas (RENAC), Instituto Nacional de Epidemiología (INE) Juan H. Jara, ANLIS Malbrán, Ministerio de Salud, Argentina; ³Hospital Italiano de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: santiripodas_92@hotmail.com

Las hipospadias son anomalías congénitas frecuentes de los genitales externos masculinos. Se clasifican en tres grados, las de 1º grado son las más leves y frecuentes (70-75%). Si bien su etiopatogenia es heterogénea, en la mayoría de los casos son defectos aislados y de origen desconocido. Los objetivos fueron: describir la prevalencia de hipospadias en Argentina con datos de la Red Nacional de Anomalías Congénitas de Argentina (RENAC), período 2009-2020; caracterizar la muestra según distribución geográfica, presentación clínica, anomalías congénitas asociadas; comparar frecuencias con otros sistemas de vigilancia; y analizar la relación entre la severidad de las hipospadias y peso y edad gestacional al nacimiento. Hubo 668 casos de hipospadias en 2.711.825 nacimientos (prevalencia de 2,46 por 10.000 nacimientos). No se observaron diferencias estadísticamente significativas entre las regiones geográficas. La presentación aislada fue la más frecuente (73,8%). La prevalencia observada fue inferior a la de otros sistemas de vigilancia. Las anomalías asociadas más frecuentes fueron: cardiopatías y anomalías del tracto genitourinario. Los cuadros más severos de hipospadias se asociaron a menor peso y edad gestacional. Se concluye que la diferencia en la comparación de prevalencias pudo deberse a aspectos metodológicos, es necesario reforzar la capacitación para detección de las hipospadias. La prematuridad y el bajo peso se relacionan con cuadros severos de esta anomalía.

GM 7**DESCRIPCIÓN EPIDEMIOLÓGICA DE MICROTIA-ANOTIA EN ARGENTINA**

García Ayre B.M., M.P. Bidondo, P. Brun, R. Bronberg, R. Liascovich, P. Barbero, B. Groisman. Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS Malbrán, CABA, Argentina. E-mail: magali.garcia.ayre@gmail.com

La microtia y anotia (MA) son anomalías congénitas del pabellón auricular. Su etiología es heterogénea y según su gravedad se clasifican en grados I a IV, siendo el grado IV o anotia la ausencia del pabellón auricular. Su presentación más frecuente es aislada aunque también puede asociarse a otras anomalías o formar parte de síndromes. Los objetivos del presente trabajo fueron describir la prevalencia de MA en Argentina según región geográfica del hospital de nacimiento, sexo, edad materna, paridad y gemelaridad. Se utilizaron los datos de la Red Nacional de Anomalías Congénitas (RENAC) del período 2010-2020. En un total de 2.709.276 nacimientos se observaron 805 casos de MA, lo que corresponde a una prevalencia de 2,97 (2,68-3,18) por 10.000 nacimientos. La prevalencia entre regiones geográficas fue heterogénea, el Noroeste Argentino (NOA) y la Patagonia en conjunto presentaron una prevalencia significativamente mayor de 3,81 (3,32-4,35) en comparación a la prevalencia de 2,74 (2,53-2,97) del resto del país comprendido en el Noreste Argentino (NEA), Cuyo y Centro. La presentación aislada fue la más frecuente (63%); predominó el sexo masculino (razón de sexos 1,18). En los casos asociados a otras anomalías, las más frecuentes fueron cardiopatías (25%) y fisuras orales (13%). No se observó asociación significativa en cuanto a la edad materna, la multiparidad (gestas ≥ 4) ni la gemelaridad. La mayor prevalencia hallada en el NOA y Patagonia podría relacionarse con un mayor componente de etnia nativa en dichas regiones, fenómeno ya observado en investigaciones previas.

GM 8**SEGUIMIENTO CLÍNICO Y ANÁLISIS DE 27 CASOS DE TRISOMÍAS AUTOSÓMICAS RARAS (RATs) DETECTADOS EN MÁS DE 4.000 MUJERES EMBARAZADAS MEDIANTE CRIBADO NIPT**

Ceccatto P., G. Compagnucci, I. Canonero, G. Méjico, E. Nazzi, P. Vacchina, M. Vázquez. Héritas, Santa Fe, Argentina. E-mail: paula.ceccatto@heritas.com.ar

La secuenciación del ADN libre en plasma materno permite analizar a través del test prenatal no invasivo (NIPT) los 24 cromosomas, así como variantes en número de copias (CNVs) asociadas a síndromes conocidos. Con el objetivo de evaluar su utilidad clínica describimos las trisomías autosómicas raras (RATs) identificadas en más de 4.000 mujeres testeadas a través del test NIPT desarrollado en nuestro laboratorio. Éste consiste en la secuenciación del genoma completo (Illumina NextSeq500/550, 1x75pb) a baja cobertura y la estimación del riesgo de aneuploidías mediante complejos métodos de conteo estadístico y comparación contra nuestra base de datos de referencia euploide. El 6% de los casos resultaron detectados, con la siguiente distribución: T21, T18 y T13 (80,7 %), Monosomía X (8,2 %) y RATs (11,1 %). Entre las RATs se encontraron: T22 (seis casos), T14 (cinco casos), T15 (cuatro casos), T16 (cuatro casos), T9 (tres casos), T7 (dos casos), T20, T10 y T2 (un caso cada una). Del total de RATs, nueve resultaron en abortos espontáneos. Dos de los casos T22, fueron recién nacidos afectados, uno con sospecha de disomía uniparental (DUP) y otro con bajo grado de mosaicismo. Una de las T16 se asociaría con un gemelo reabsorbido y otra resultó ser un mosaico confinado a la placenta con feto sano, al igual que otros dos casos (T9 y T7). Nuestra experiencia sugiere que la identificación de RATs a través de NIPT posee significativa utilidad clínica y es actualmente el único método de *screening* con el potencial para detectarlas. Las mismas se asocian con mayor riesgo de abortos tempranos, mosaicismos fetales, DUP fetal, retraso de crecimiento intrauterino y muerte fetal.

GM 9

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DEL SÍNDROME DE DELECCIÓN 5p ASOCIADO A TRISOMÍA PARCIAL DEL CROMOSOMA 13

Rebagliati F.¹, T. Dos Santos Martinez¹, P.D. Flores², J. E. Dipierri², A.P. Solarí¹. ¹Centro Nacional de Genética Médica, Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud (ANLIS) "Dr. Carlos G. Malbrán", Bs. As., Argentina; ²Hospital Materno Infantil "Dr. Héctor Quintana", Jujuy, Argentina. E-mail: florenciarebagliati@gmail.com

El síndrome de *Cri du chat*, causado por delección del brazo corto del cromosoma 5, tiene una incidencia de 1/15.000 a 1/50.000 NV. La mayoría se produce por delecciones *de novo*, sólo el 15% resulta de una translocación parental balanceada. Se presenta una paciente con monosomía parcial del brazo corto del cromosoma 5 y trisomía parcial del brazo largo del cromosoma 13 por translocación materna 5;13, y se compararon los hallazgos clínicos con la literatura. La paciente, niña de 2 años con antecedente de RCIU, al examen físico presentaba características fenotípicas compatibles. Se realizó el cariotipo (NR: 550 bandas) en el propósito y su madre. Los resultados considerando el propósito (A1) y la madre (C1) fueron A1: 46,XX,der(5)t(5;13)(p15.1;q31)mat [20]; C1: 46,XX,t(5;13)(p15.1;q31)[20]. La paciente presentó monosomía parcial 5pter-5p15.1 y trisomía parcial 13q31-13qter. Los hallazgos clínicos se correlacionan con los genes en los segmentos involucrados: la región 5p15.2 se asocia con dismorfias faciales, hipotonía, retraso de crecimiento, el gen *MARCH6* es responsable del llanto característico. Algunos genes como *SEMA5A* y *CTNND2*, por haploinsuficiencia del cromosoma 5, se relacionan con discapacidad intelectual. En la región 13q32 el gen *PAPA2* se reporta asociado con polidactilia postaxial en las trisomías, coincidente con el fenotipo de la paciente. Si bien el síndrome de *Cri du Chat* asociado a trisomía parcial del cromosoma 13 es infrecuente, el análisis de este caso puede contribuir a entender la relación entre genotipo y fenotipo.

GM 10

IMPACTO DE ANOMALÍAS CROMOSÓMICAS: REPORTE DE UN CASO

Espíndola R.E., M.B. Brizuela Sánchez, M.D. Gamarra. Instituto de Genética Humana de Misiones (IGEHM), Hospital Dr. Madariaga (Servicio de Genética), Misiones, Argentina. E-mail: rosesp@live.com.ar

El aborto recurrente (AR) es toda pérdida recurrente de embarazo menor a la 20^a semana. En un 2-5% de las parejas con AR, se ha visto que uno de ellos es portador de alguna anomalía cromosómica estructural (ACE). Las más frecuentes son translocaciones recíprocas balanceadas y las robertsonianas. Las ACE afectan el proceso normal de gametogénesis generando gametas desbalanceadas que dan origen a cigotos cromosómicamente desbalanceados, no viables, que generan abortos espontáneos, muertes perinatales y recién nacidos muertos. Las rupturas cromosómicas ocasionan la redistribución y disrupción de genes, afectando la expresión y regulación de los mismos. Muchos de estos genes pueden ser oncogenes y genes supresores de tumores que intervienen en vías de reparación del ADN, cuyas alteraciones desencadenan procesos oncológicos. En el presente trabajo se reporta un caso de una paciente con AR y cáncer de mama (CM). Se efectúa una extracción de sangre periférica para realizar los estudios cromosómicos y genómicos pertinentes para el posterior asesoramiento genético. El resultado del cariotipo fue 46,XX,t(2;15)(q33;q25). Esta ACE genera gametas desbalanceadas que causarían los AR. Los estudios genómicos hallaron una VUS en el gen *POLE*, según análisis bioinformático dicha variante genética se encuentra en un sitio crítico de la proteína *POLE* que afectaría su correcta función de reparación del ADN. En los puntos de ruptura de la translocación se encuentran genes de prevalencia a CM como *BARD1*, *MORE4L1* y *BL2A1* entre otros, cuyas alteraciones podría explicar las AR y el cáncer.

GM 11

ANOMALÍAS CROMOSÓMICAS HEREDADAS: DESCRIPCIÓN DE UNA FAMILIA CON INVERSIÓN Y RECOMBINANTE DE CROMOSOMA 4

Justoni M.S., V.M. San Rame, A.L. Damia, M. Sadowski, G. Molinari, V. Qualina, S.M. Castro Monsonis. Sala de Genética, HIAEP Sor María Ludovica, La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: analaura.damia@gmail.com

Las anomalías cromosómicas son causa de discapacidad intelectual, dismorfias, malformaciones, abortos espontáneos recurrentes e infertilidad. Los individuos portadores de anomalías cromosómicas estructurales balanceadas pueden generar gametos desbalanceados lo que aumenta el riesgo de descendencia afectada. La importancia de su detección radica en poder realizar un correcto asesoramiento genético familiar. Nos proponemos ilustrar la relevancia de estas anomalías mediante la descripción clínica de una familia que presenta individuos portadores de una inversión en el cromosoma 4 y pacientes con un recombinante de cromosoma 4. Se realizaron historias clínicas detalladas, genealogía ampliada y estudios citogenéticos con técnica convencional, bandeado G y FISH. En dos generaciones distintas se identificaron cuatro pacientes con fenotipo similar caracterizado por dismorfias y discapacidad intelectual. Fueron estudiados citogenéticamente tres de ellos y en todos se identificó la presencia de un recombinante de cromosoma 4. Los cariotipos paternos de cada uno de los afectados evidenciaron que los mismos eran portadores de una inversión pericéntrica de cromosoma 4. Los estudios realizados permitieron establecer el diagnóstico de Síndrome de Duplicación 4p debido a la presencia de un recombinante de cromosoma 4 producto de una inversión en el cromosoma 4 de origen paterno. Se trata de una entidad poco frecuente con escasos reportes publicados. Al identificar individuos en riesgo se logró completar el asesoramiento familiar y establecer un alto riesgo de recurrencia para futuras gestaciones.

GM 12

ESTUDIOS DE HIBRIDACIÓN FLUORESCENTE *IN SITU* (FISH) PARA DIAGNÓSTICO DEL SÍNDROME DE WILLIAMS-BEUREN (SWB) EN SALTA, ARGENTINA

Visich A.A., E. Salim, M. Diaz, C. Martínez Taibo. Laboratorio de Citogenética, Programa de Anatomía Patológica, Biología Molecular, Citogenética y Citometría, Hospital Dr. Arturo Oñativia, Salta, Argentina. E-mail: alevisich@yahoo.com.ar

El Síndrome de Williams-Beuren (SWB) es una enfermedad poco frecuente con una incidencia aproximada en Argentina de 1/7.000. El diagnóstico clínico puede ser dificultoso porque afecta múltiples órganos con expresión variable. Entre sus manifestaciones clínicas relevantes se encuentran: rasgos faciales élficos (frente amplia, nariz pequeña y respingada, boca grande, labios gruesos, párpados y mejillas abultadas, mandíbula y mentón pequeños, mala oclusión dentaria) asociados a estenosis aórtica, retraso del crecimiento, hipercalcemia, hipotonía y retraso mental. Es causado por una microdelección heterocigótica de genes contiguos en una región crítica del cromosoma 7 (7q11.23), que puede detectarse a través de sondas fluorescentes. El objetivo de este trabajo es reportar la utilización de la técnica de Hibridación Fluorescente *in situ* (FISH) como herramienta para confirmar la sospecha clínica del SWB en pacientes de la provincia de Salta. Se analizaron 13 pacientes, detectando en cuatro la delección confirmatoria del SWB. Los nueve pacientes negativos finalmente fueron diagnosticados con otras patologías. Si bien este síndrome no tiene cura, su detección precoz es fundamental para el tratamiento multidisciplinario temprano y específico de los pacientes afectados, que posibilite retrasar la progresión de los síntomas y alcanzar la mejor calidad de vida. Se destaca la importancia de implementar estos estudios a nivel local y en un Hospital Público que facilite el acceso a los mismos a los pacientes que los precisan, sin necesidad de derivar muestras o pacientes a centros referentes de otras provincias y minimizando los tiempos de los resultados.

GM 13

CARACTERIZACIÓN E IMPACTO DE HALLAZGOS SECUNDARIOS DETECTADOS EN ESTUDIOS DE EXOMA CLÍNICO DIRIGIDO

Ruggieri A., G. García, P. Ceccatto, F. Madeira, G. Méjico, E. Nazzi, P. Vacchina, M. Vázquez. Héritas, Santa Fe, Argentina. E-mail: guadalupe.mejico@heritas.com.ar

Desde 2013, ACMG publica recomendaciones para el reporte de Hallazgos Secundarios (HS) de variantes patogénicas y/o probablemente patogénicas en un conjunto determinado de genes considerados médicamente accionables, identificadas en la secuenciación exómica o genómica, sin relación con la sospecha clínica (última actualización agosto 2021). Nos propusimos analizar la frecuencia y caracterizar los HS identificados en estudios realizados en nuestro laboratorio. Se incluyeron 517 pacientes, en su mayoría en edad pediátrica y con diagnóstico clínico de patología neurológica, de los cuales el 90% optó por conocer HS en su consentimiento. Los pacientes fueron caracterizados molecularmente en Héritas mediante secuenciación exómica dirigida (Illumina NextSeq500/550, Trusight One Expanded, Paired end 150Pb). El 4,7% resultaron detectados para HS, con la siguiente distribución: 50% en genes relacionados a patología cardiovascular (*LDLR*, *SCN5A*, *TTN*, *MYBPC3*, *FBN1*, *KCNQ1*, *SCN5A*, *PKP2*), 41% a cáncer hereditario (*MUTYH*, *BRCA2*, *RET*, *PMS2*), 4,5% a errores congénitos del metabolismo (*BTD*) y 4,5% a hipertemia maligna (*RYR1*). Se plantea la necesidad de un debate interdisciplinario en nuestro país, considerando aspectos éticos, psicológicos y legales para el paciente y su familia, así como la necesidad de abordaje por un profesional médico capacitado en asesoramiento genético. Asimismo, discutir acerca de la implicancia de los HS en pacientes pediátricos o perinatales y considerar la demanda de recursos que insume el reporte de los mismos.

GM 14

SÍNDROME DE VON HIPPEL-LINDAU: REPORTE DE TRES CASOS

Del Greco F., A. Gonzalez, G. Méjico, A. Gómez, P. Vacchina, E. Nazzi, S. Carbognani, M. Vázquez. Héritas, Santa Fe, Argentina. E-mail: franco.delgreco@heritas.com.ar

El Síndrome de Von Hippel-Lindau es un trastorno de herencia autosómica dominante, de alta penetrancia, asociada a la alteración del gen *VHL*, que se caracteriza por la aparición de neoplasias o tumores en distintas partes del cuerpo. Se presentan los análisis moleculares de tres casos resueltos en el laboratorio a partir de muestras de sangre en el que se secuenció el gen completo utilizando tecnología de secuenciación masiva (NGS). En ningún caso se hallaron variantes puntuales de interés, pero se encontraron deleciones de uno o dos exones mediante el *screening* de CNVs (*copy number variations*), los cuales fueron confirmados posteriormente por MLPA (*multiplex ligation-dependent probe amplification*). Primer caso: paciente de 28 años de edad que presenta hemangioblastoma de cerebelo, carcinoma de células claras renales y lesión en médula. Se detectó una deleción en el exón 3. Segundo caso: paciente de 28 años que presenta hemangioblastoma cerebral. Se detectó una deleción en el exón 2. Tercer caso: paciente de 36 años con hemangioblastoma de retina, medular y sistema nervioso central, quistes renales y pancreáticos. Se detectó una deleción que abarca los exones 2 y 3. En este resumen se presentaron los únicos tres casos patogénicos hallados en el laboratorio asociados al Síndrome de Von Hippel-Lindau, todos debidos a deleciones intragénicas, lo que remarca la importancia de evaluar las variantes numéricas por NGS, mejorando los métodos de *screening* de CNVs, y de confirmar mediante MLPA aquellos casos donde el *screening* es positivo.

GM 15

CASUÍSTICA DE LA ENFERMEDAD DE FABRY-ANDERSON EN LOS DEPARTAMENTOS CAPITAL, AMBATO Y SANTA ROSA DE LA PROVINCIA DE CATAMARCA, ARGENTINA

Fernández S., C. Fernández, J. Moya, R. Moya. Centro Integral Privado de Enfermedades Renales Catamarca, Catamarca, Argentina. E-mail: ciperca@hotmail.com

La enfermedad de Fabry-Anderson es una patología poco común; se la conoce como una enfermedad hereditaria, lisosomal y tiene un patrón de herencia ligado al cromosoma X. Las personas que padecen esta enfermedad manifiestan un déficit en la producción de la enzima alfa-galactosidasa A, lo cual, favorece el depósito de G13 en células endoteliales, periteliales, neuronas, podocitos, cardiomiocitos, etc., estableciendo afectaciones multiorgánicas. Las manifestaciones clínicas son de mayor frecuencia en varones homocigotas que carecen completamente de actividad alfa-galactosidasa A. En este trabajo se estudió la prevalencia e incidencia de la enfermedad de Fabry-Anderson en las poblaciones de los departamentos Capital, Ambato y Santa Rosa de la Provincia de Catamarca en el periodo 2000-2016. La investigación fue descriptiva, un estudio de casos y de enfoque mixto. Se aplicaron técnicas de registro de datos, entrevistas a pacientes, búsqueda y selección de los antecedentes bibliográficos y, estudios clínicos y citogenéticos de 68 pacientes (2-77 años). Los resultados determinaron la variante clásica y cardiaca en homocigosis, con síndrome nefrótico con o sin manifestación clínica según registros de laboratorio PBR y ME y dosaje enzimático. La prevalencia de la enfermedad de Fabry-Anderson en las localidades en estudio fue superior a registros oficiales (1/40.000-117.000); se destacan tres tipos de mutaciones: 1123-1126 del AGGAK374fs en el exón 7 del gen *GLA*, c.679C>T en el exón 5 del gen *GLA* y c.520T>G en el exón 3 del gen *GLA*; se revelan variantes incompletas en la expresión clínica, con afectación predominantemente cardiaca. Actualmente los pacientes se encuentran bajo tratamiento enzimático.

GM 16

SÍNDROME DE SAY-BARBER-BIESECKER-YOUNG-SIMPSON: PRESENTACIÓN DE UN PACIENTE CON UNA VARIANTE NOVEL EN *KAT6B*

Solari A.P., G. Alberto, S.A. Miller, A.C. Benitez, B.M. García Ayré, D. Parisini, L. Espeche, V. Ferreira. Centro Nacional de Genética Médica (CNGM), ANLIS "Dr. Carlos Malbrán", Buenos Aires, Argentina. E-mail: tutandre@gmail.com

El síndrome de Say-Barber-Biesecker-Young-Simpson (OMIM #603736 SBBYSS) es una de las condiciones asociadas a la variante en el gen *KAT6B* (10q22.2) junto al Síndrome Genito Patelar (OMIM# 606170 GPS). Tiene expresividad variable con discapacidad intelectual, blefarofimosis, hipotonía y anomalías esqueléticas. En este trabajo se presenta un paciente con variante novel en *KAT6B* y se comparan los hallazgos clínicos con la literatura. Un varón de seis años fue referido a la consulta por hipotonía, retraso global del desarrollo y dismorfias: hendiduras palpebrales descendentes, ptosis palpebral, mejillas llenas, filtrum marcado y largo, labios gruesos, hiperlaxitud interfalángica distal, pulgares largos. Presentaba electroencefalograma normal, coeficiente intelectual de 47, queratocono bilateral, sin otras malformaciones mayores. Se realizaron cariotipo y arrayCGH, ambos no informativos. Por exoma clínico se detectó la variante c.3076delC clasificada como probablemente patogénica en el exón 16 del Gen *KAT6B*. La variante hallada concuerda con el fenotipo del paciente. Si bien la mayoría de los afectados presentan variantes en el exón 18, las reportadas en el exón 16 solo se asocian con SBBYSS. A la fecha se han comunicado 11 variantes patogénicas en este exón. Ninguno de los pacientes presentaba compromiso de rótula ni contracturas, sugiriendo que la distinción clínica entre GPS y SBBYSS no siempre es clara. Concordamos con los reportes previos que podría ser de mayor relevancia en la práctica clínica poder reconocer las características de ambos síndromes en forma individual, no así hablar de espectro fenotípico de *KAT6B*.

GM 17

PCR CUANTITATIVA EN TIEMPO REAL PARA LA CUANTIFICACIÓN DE COPIAS DE *HBB*

Scheps K.G.^{1,2}, C. Pepe³, H.M. Targovnik^{1,†}, Cátedra de Genética, Departamento de Microbiología, Inmunología, Biotecnología y Genética, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina. ²Instituto de Inmunología, Genética y Metabolismo (INIGEM), UBA-CONICET, CABA, Argentina. ³Servicio de Hematología y Oncología, Hospital de Pediatría Dr. Juan P. Garrahan, CABA, Argentina. E-mail: karenscheps@gmail.com

Los síndromes β -talasémicos siguen siendo un desafío para los profesionales de la salud. Pese a que las variantes causales más frecuentes son puntuales, también hay deleciones que pueden afectar al gen *HBB* y a otros integrantes del *cluster* de β -globina. Actualmente, MLPA es la metodología más utilizada para evidenciarlas, aunque este método no es accesible para todos los laboratorios. El objetivo de este trabajo fue poner a punto un método basado en qRT-PCR y detección con un agente intercalante, para cuantificar de manera relativa, utilizando el método $\Delta\Delta C_t$, el número de copias de *HBB* y detectar deleciones. Se diseñaron *primers* que abarcan parte del primer exón e intrón de *HBB* y como referencia se amplificó *B2M*. Se analizaron nueve muestras con una única copia de *HBB* con variantes $(\delta\beta)^0$ -siciliana o $(\delta\beta)^+$ -Lepore tipificadas por PCR-GAP, 13 muestras controles con variantes heterocigotas en *HBB* y cuatro muestras incógnitas, cuyos resultados se corroboraron por MLPA (SALSA P102). Las reacciones presentaron una eficiencia de amplificación del 102,9% para *HBB* y 102,4% para *B2M*. Los valores de ΔC_t target-control presentaron distribuciones normales en los distintos experimentos. El análisis de MLPA de las muestras incógnitas confirmó la presencia de deleciones que afectaron el gen *HBB*, mostrando coincidencia con el análisis por qRT-PCR. Se logró poner a punto un método alternativo y accesible para la detección de deleciones que afecten a *HBB*, logrando facilitar el diagnóstico de los síndromes β -talasémicos en nuestro medio, lo que redundará en beneficio de los pacientes afectados y sus familias.

GM 18

ANÁLISIS DE SEIS MARCADORES GENÉTICOS Y BÚSQUDA DE ASOCIACIÓN CON MIGRAÑA CON AURA EN LA POBLACIÓN DE BUENOS AIRES

González R.¹, M. Nowik¹, D.M. Hohl¹, S. Miranda², J.A. Giglio³, J.A. Gili^{4,5}, C.I. Catanesi^{1,6}. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular IMBICE (CONICET-UNLP-CIC), La Plata, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto Central de Medicina, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ³Hospital Interzonal General de Agudos "Prof. Dr. Rodolfo Rossi", La Plata, Buenos Aires, Argentina; ⁴Dirección de Investigación CEMIC-CONICET, CABA, Argentina; ⁵Universidad Nacional de Villa María, Villa María, Córdoba, Argentina; ⁶Facultad de Cs. Naturales y Museo, UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: gonzalezrebe85@gmail.com

La migraña con aura es una cefalea primaria frecuente e incapacitante, de alta prevalencia y gran impacto socioeconómico y personal, debida a factores ambientales y genéticos. Estos últimos, a pesar de su relevancia en el tratamiento y la prevención, no se han estudiado en profundidad en la población argentina. En este contexto se realiza el presente trabajo, en el cual se analizan en la población bonaerense, variantes genéticas que han sido relacionadas a migraña en otras poblaciones. Se obtuvo ADN de 184 bonaerenses (86 pacientes y 98 controles) y se tipificaron los SNPs rs12134493 (*TSPAN2*), rs10166942 (*TRPM8*), rs10456100 (*KCNK5*), rs4910165 (*MIRV11*), rs11031122 (*MPPED2*) y rs6081613 (*SLC24A3*), por PCR-alelo específica. Los casos se ajustaron al EHW ($p < 0,05$) para todos los SNPs y en el grupo control se ajustaron todos menos los SNPs rs12134493 y rs4910165. No hubo diferencias significativas entre casos y controles (AMOVA y F_{ST}). Se realizó un modelo de regresión logística en búsqueda de asociación utilizando todos los genotipos de los marcadores analizados, mediante el cual se obtuvieron estimaciones de *odds ratio* (OR) y χ^2 . Para rs10456100 se encontró asociación ($\chi^2=4,00$; $p=0,0456$) en el genotipo TT (tomando como referencia CC) y se obtuvo un OR de 0,11 con un intervalo de confianza (IC) de 0,01-0,96. El alelo T se ha reportado como alelo de riesgo en otras poblaciones, pero en nuestra población los resultados sugieren que, en homocigosis, estaría actuando como protector. A futuro se intentará aumentar el tamaño muestral para confirmar este resultado.

GM 19

SÍNDROME PROGEROIDE ATÍPICO. REPORTE DE CASO Y ABORDAJE POR EL COMITÉ DE GENODERMATOSIS DEL HOSPITAL SOR MARÍA LUDOVICA DE LA PLATA

Martinoli M.C., A.L. Damia¹, S. Castro¹, J. Goitia². ¹Sala de Genética Médica; ²Servicio de Dermatología, Hospital Interzonal Especializado en Pediatría Sor María Ludovica, La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: celestemartinoli@yahoo.com.ar

La progeria es un síndrome genético infrecuente de envejecimiento prematuro postnatal caracterizado por rasgos típicos como alopecia, piel fina, hipoplasia ungueal, ausencia de grasa subcutánea, rigidez articular y osteólisis. A veces se presenta en forma incompleta como cuadros progeroides atípicos y constituye un desafío diagnóstico. Por medio de la presentación de un caso nos proponemos divulgar la complejidad que representa el abordaje de estos pacientes. Se realizaron examen físico, anamnesis y estudios complementarios. El paciente masculino de dos años había sido derivado por rigidez generalizada en piel y articulaciones, presentaba características progeroides y tenía antecedentes de consanguinidad. La histopatología, el *scan* radiográfico y la RMN de partes blandas corporal total fueron normales. Se solicitó exoma dirigido a panel de genes asociados a progeria. Se halló una variante probablemente patogénica en homocigosis en el exón 7 del gen *LMNA* (c.1303C>T, p.Arg435Cys, rs150840924). Las variantes patogénicas en *LMNA* se asocian con Síndrome de progeria de Hutchinson-Gilford cuando están en heterocigosis. Los fenotipos relacionados con progeria asociados a mutaciones no clásicas se describen como laminopatías progeroides o síndromes progeroides atípicos, de herencia autosómica dominante o recesiva. Los estudios realizados permitieron confirmar la sospecha diagnóstica. Es fundamental el abordaje interdisciplinario en nuestro comité de Genodermatosis y la confirmación con estudios moleculares para establecer un seguimiento y asesoramiento genético correctos.

GM 20

MUTACIÓN EN EL PÉPTIDO SEÑAL DE POMC EN UNA NIÑA CON OBESIDAD DE INICIO TEMPRANO

Fernández E.^{1,2}, M. Anello¹, M.B. Silbestro¹, J. Hernández³, V. Garrido³, C.I. Catanesi², F. Di Rocco¹. ¹Lab. Genética Molecular, IMBICE (CICPBA-CONICET-UNLP), Buenos Aires, Argentina; ²Lab. Diversidad Genética, IMBICE (CICPBA-CONICET-UNLP), Buenos Aires, Argentina; ³Servicio de Nutrición del Hospital de Niños "Sor María Ludovica" de La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: estefi.fernandez23@gmail.com

La causa más común de obesidad monogénica son las mutaciones en el Receptor 4 de Melanocortina (*MC4R*), aunque se han identificado mutaciones causales en otros genes. Leptina (*LEP*) inhibe la ingesta de alimento y activa el gasto energético, afectando varios procesos metabólicos. Su ausencia por defectos genéticos determina la aparición temprana de obesidad. Proopiomelanocortina (*POMC*) es precursor de las hormonas estimulantes de melanocitos (α y β -MSH), que se unen al *MC4R* induciendo saciedad y aumentando el uso de energía. Mutaciones en *POMC* se asocian a obesidad por falta de señalización en *MC4R*. Nuestro objetivo fue identificar mutaciones en *LEP* y en el exón 2 de *POMC* en niños con obesidad de inicio temprano, que no presentan mutaciones en *MC4R*. Desde muestras de sangre de los pacientes se extrajo el ADN por *salting out* y se amplificaron por PCR los exones en estudio para 53 niños (edad media: $9,9 \pm 3,4$ años, [1-15 años]; Z-IMC medio: $3,4 \pm 1,1$, [2,01-7,97]). Las secuencias obtenidas por Sanger, se alinearon y editaron con el *software* Geneious v.6.0.6. En el análisis, se identificó una mutación en heterocigosis, c.22C>T (p.Arg8Cys), en una niña de 11 años con Z-IMC=2,65 y antecedentes familiares de obesidad. Esta variante se ubica en la región N-terminal del péptido señal de *POMC*, la cual es esencial para una eficiente translocación de las proteínas secretorias a través de la membrana del retículo endoplásmico. La mutación podría alterar este pasaje y por lo tanto estar implicada en el desarrollo de la obesidad, aunque se requieren estudios funcionales para comprobarlo.

GM 21

ESTUDIO DEL POLIMORFISMO 5-HTTLPR DEL GEN *SLC6A4* Y SU RELACIÓN CON LOS PROBLEMAS DE SUEÑO EN PACIENTES DIABÉTICOS TIPO 2

Vilte J.C.E.^{1,2}, L.F. Fernández¹, J.J. Ríos¹, E.L. Alfaro-Gómez^{2,3}, H.M. Borsetti^{1,4,5}. ¹Instituto de Estudios Celulares Genéticos y Moleculares, Universidad Nacional de Jujuy (UNJu), Jujuy, Argentina; ²Instituto de Ecorregiones Andinas, UNJu-CONICET, Jujuy, Argentina; ³Instituto de Biología de la Altura, UNJu, Jujuy, Argentina; ⁴Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), UNJu, Jujuy, Argentina; ⁵Laboratorio de Análisis Genéticos, FCA, UNJu, Jujuy, Argentina. Email: juanvilte@fca.unju.edu.ar

Las alteraciones de sueño predisponen al desarrollo de enfermedades crónicas no transmisibles, como la diabetes mellitus tipo 2 (DM2). Entre los neurotransmisores involucrados en el ciclo de sueño se encuentra la serotonina, cuya acción depende de la regulación de su concentración en el espacio sináptico mediante recaptación por su transportador 5-HTT. Debido a la importancia de 5-HTT, se propuso analizar las alteraciones de sueño (AS) en pacientes DM2 respecto a la distribución de la variante polimórfica funcional HTTLPR que afecta la producción de ARNm del gen transportador de la serotonina (*SLC6A4*). El estudio se realizó en una población de 303 pacientes con DM2 de la provincia de Jujuy (91 varones y 212 mujeres, edad promedio 68,5 años). Los hábitos de descanso de la población se caracterizaron mediante encuestas, a partir de las cuales se obtuvo descripción de AS auto-reportadas. Se calculó frecuencia alélica y genotípica a partir de muestras de ADN obtenidas de saliva de los pacientes y analizadas mediante PCR; todo lo anterior previo consentimiento informado. Se observó una mayor representación del alelo S (83%) respecto al L (17%) en la población, predominando el genotipo SS (82,18%) sobre LL (16,50%) y SL (1,32%). Las AS fueron más frecuentes entre mujeres respecto a los hombres (64,62% vs. 38,46%), siendo el genotipo LL el más afectado (72%). Estos resultados evidencian la prevalencia de las AS en pacientes DM2 y sientan las bases genéticas para un posible abordaje terapéutico y futuras investigaciones para mejorar su calidad de vida.

GM 22

DISTRIBUCIÓN DE FRECUENCIA ALÉLICA Y GENOTÍPICA DEL POLIMORFISMO *PER3 VNTR* EN PACIENTES DIABÉTICOS TIPO 2

Borsetti H., B. Cata Sánchez, J. Ríos. Instituto de Estudios Celulares Genéticos y Moleculares, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy, Argentina. E-mail: hborsetti@yahoo.com.ar

Numerosos reportes asocian a genes del reloj biológico en la regulación del sueño y el metabolismo, ambos alterados en pacientes diabéticos tipo 2 (DM2). Entre los genes reportados se encuentra *Period 3 (Per3)*, que exhibe un polimorfismo de número variable de repeticiones en tándem (*VNTR*) que consiste de dos alelos, de cuatro o cinco repeticiones de 54pb, en el exón 18. Esta variación altera el número de sitios de fosforilación en la proteína, modulando el funcionamiento del reloj molecular, los ciclos de sueño y potencialmente el metabolismo. Un reporte previo, de India, asocia al alelo de cinco repeticiones con riesgo aumentado de desarrollar diabetes mellitus tipo 2. Sin embargo, no existen reportes acerca de este polimorfismo para pacientes DM2 en Argentina. El objetivo de este trabajo fue examinar la existencia de variantes de *Per3 VNTR* en pacientes DM2. El estudio se realizó en una población de 452 pacientes DM2 de la provincia de Jujuy (124 varones y 328 mujeres). Se calcularon las frecuencias alélicas y genotípicas a partir de muestras de ADN obtenidas de saliva de los pacientes y analizadas mediante PCR, previo consentimiento informado. Se observó mayor representación del alelo 4 (89,05%) respecto al 5 (10,95%) en la población, predominando el genotipo 4/4 (80,53%) sobre 4/5 (17,04%) y 5/5 (2,43%). Los resultados obtenidos difieren al previamente reportado (33,8%, 47,3% y 18,9% respectivamente, n=302 pacientes DM2); pero no excluye un rol del alelo 5 en la patogénesis de la DM2. Estudios asociativos con el perfil metabólico, alteraciones cardiovasculares, etc. son necesarios para su mejor interpretación.

GM 23

FBN1: UN MISMO GEN CON FENOTIPOS EXTREMOS

Ávila S.^{1,2}, A. Mampel^{3,4,5}, G. Exeni¹, J. Oliveri⁴. ¹Hospital Provincial de Neuquén, Dr. E. Castro Rendón, Neuquén, Argentina; ²Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Neuquén, Argentina; ³Instituto de Genética, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina; ⁴Hospital Universitario, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina; ⁵Centro Oncológico Regional Mendoza, Mendoza, Argentina. E-mail: silvia347@gmail.com

FBN1 codifica la proteína fibrilina, componente de las fibras elásticas. Las mutaciones autosómicas dominantes de *FBN1* se asocian con un espectro de fenotipos que incluyen el síndrome de Marfan y las displasias acromiocrítica y geoleofísica. Presentamos fenotipos extremos asociados a mutaciones de *FBN1*. Caso 1: Es un niña con muy baja talla; facies redondeada, macrocefalia, braquidactilia. La madre presentaba fenotipo similar. Presentó en heterocigosis la variante patogénica (VP) *FBN1* c.5272G>T (p.Asp1758Tyr) asociada a displasia geoleofísica. Caso 2: Es un niño hijo de padres sanos no consanguíneos, con desaceleración de la talla desde los dos años, macrocefalia, braquidactilia, facies redondeada, patrón radiológico de displasia acromiocrítica. Se detectó la variante probablemente patogénica (VPP) *FBN1* c.5244T>G (p.Cys1748Trp). Caso 3: Es un niño con talla alta, subluxación bilateral del cristalino e hiperlaxitud generalizada. El padre presentaba talla alta, pectus excavatum, escoliosis, aneurisma de aorta y subluxación bilateral del cristalino. Se detectó en heterocigosis la VPP *FBN1* c.4972T>C, p.(Cys1658Arg). Caso 4: Es un hombre con talla alta, miopía, escoliosis, y aneurismas cerebrales, dilatación de raíz aórtica, prolapso mitral, y fenotipo sugestivo de síndrome de Marfan. Se detectó en heterocigosis la VPP *FBN1* c.6388G>A (p.Glu2130Lys). La fibrilina constituye las microfibrillas extracelulares. Interviene en la regulación de TGF- β , inactivado cuando se almacena en microfibrillas y activo cuando es liberado. Las mutaciones activantes se asocian con los fenotipos de talla alta y compromiso vascular. Las mutaciones localizadas en los exones 41 y 42 se asocian a displasia esquelética. Los fenotipos asociados a *FBN1* se asocian a un espectro con características extremas con talla alta o displasia esquelética.

GV

**GENÉTICA
VEGETAL**

**PLANT
GENETICS**



GV 1

ANÁLISIS DE VARIABILIDAD Y RELACIONES GENÉTICAS EN GERMOPLASMA DE GARBANZO (*Cicer arietinum* L.) MEDIANTE MARCADORES SSR

Delgado R.P., M.M. Sosa, M.J. Allende, M.I. Pocovi. Facultad de Ciencias Naturales, CIUNSA, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina. E-mail: romi.delgado88@gmail.com

La colección de germoplasma de la Universidad Nacional de Córdoba reúne accesiones que incluyen variedades locales, líneas y cultivares argentinos, así como materiales de centros internacionales (ICARDA; IFAPA-UCO). Caracterizar molecularmente el germoplasma optimizará su uso en el programa de mejoramiento. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la variabilidad y relaciones genéticas entre 49 genotipos promisorios a partir de datos de 26 SSR. Se estimó: porcentaje de loci polimórficos, número de alelos por locus, número promedio, número efectivo de alelos y contenido de información polimórfica (PIC). La clasificación, por el método UPGMA, y el ordenamiento, por Análisis de Coordenadas Principales (ACoP), se llevaron a cabo a partir de una matriz de distancia de Prevosti. Se obtuvo un 92,3% de loci polimórficos y un total de 126 alelos, variando el número de alelos de uno a nueve en los distintos loci. Si bien la media del número de alelos fue 4,85, el número efectivo medio fue 3,55. El valor PIC osciló entre 0 y 0,841, siendo 16 de los SSR analizados altamente informativos ($PIC > 0,5$). El valor medio de distancia entre pares de accesiones fue 0,59. En el dendrograma se observan dos *clusters*, uno incluye RILs de IFAPA-UCO derivadas de un mismo cruzamiento, y en el otro RILs de IFAPA-UCO procedentes de otro cruzamiento, materiales de ICARDA y líneas y cultivares argentinos. Esta clasificación coincide con el ordenamiento de las accesiones al proyectarlo sobre la CP1 a pesar de que la misma sólo explica un 11,9 % de la variabilidad total. Se evidencian altos niveles de variabilidad genética en los materiales.

GV 2

EFFECTO DE DISTINTOS AMBIENTES SOBRE CARACTERES PRODUCTIVOS Y NUTRICIONALES EN GENOTIPOS DE LENTEJA (*Lens culinaris* Medik)

Palacios Martínez L.T., F. Guindón, F. Maglia, E. Cointry, C. Bermejo. Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. E-mail: palaciostatiana72@gmail.com

El cultivo de lenteja, *Lens culinaris* Medik, es de gran valor por su alto contenido nutricional, sin embargo, su base genética estrecha genera pobre adaptación al cambio ambiental. A fin de identificar genotipos con alta calidad nutricional y adaptados a distintos ambientes, se evaluaron siete variedades de tipo macrosperma: Silvina (testigo comercial), 16a (ICARDA) y RILs derivadas del programa de mejora de la UNR, caracterizadas por presentar mayor contenido de hierro que Silvina. Se sembraron en un DBCA con dos repeticiones en cuatro ambientes (A): fecha de siembra temprana sin y con inoculante (A1 y A3, respectivamente), fecha de siembra tardía sin y con inoculante (A2 y A4, respectivamente). Se evaluó: DF (días a floración), AP (altura de planta), NVP y NSP (Nº de vainas y de semillas/planta), C (calibre de grano), P_{100} (peso 100 granos), R (rendimiento/planta), V/L (relación Vicilina/Legumina), P (porcentaje proteico), F (contenido de fenoles), T (contenido de taninos), AF (contenido de ácido fítico), TC (tiempo de cocción), ABH_2O (% absorción de agua). Se realizó un ANOVA con el *software* Infogen para todas las variables. Se observó interacción genotipo-ambiente en las variables R, P, F, T, AF y P_{100} , efecto ambiental en NVP, NSP, C, y efecto de genotipo en los caracteres restantes. Se realizó un análisis GGE biplot para R y P y se destacaron las variedades 57a en A2 y A4 y 16a en A1 y A3. Las variedades 58a y 59a presentaron un R estable y los mayores valores de P en fechas tardías siendo potenciales candidatas para ser usadas en ambientes más desfavorables o extremos.

GV 3

AVANCES EN LA CARACTERIZACIÓN DEL ALGODÓN TRANSGÉNICO PORTADOR DE SECUENCIAS QUE INTERFIEREN CON LA SÍNTESIS DE ALFA AMILASA ESPECÍFICA DE *Anthonomus grandis* Boheman

Gonzalez A.J.¹, M.A. Tcach¹, L.M. Klein¹, M.V. Spoljaric¹, M.D. Turica², L. Maskin². ¹Estación Experimental Agropecuaria, Sáenz Peña, CR Chaco Formosa, INTA, Argentina; ²Instituto de Genética Ewald A. Favret, CICVyA, INTA, Castelar, Argentina. E-mail: gonzalez.ariela@inta.gov.ar

El picudo del algodónero, *Anthonomus grandis* Boheman, es considerado una “super plaga”, lo que se debe en parte a su alta capacidad reproductiva y las numerosas generaciones que se producen en un ciclo agrícola. Para abordar su avance se propuso realizar la transformación genética de algodón mediada por *Agrabacterium thumefaciens* sobre genotipos Coker 312. Se obtuvieron así, plantas de algodón transgénicas, portadoras de una construcción génica que interfiere con la enzima alfa amilasa, presente en el intestino del insecto (interferencia mediada por ARN). Luego de confirmar por PCR la presencia del transgén en la generación T₀, la descendencia T₁ fue sembrada en invernáculo en dos localidades; el análisis PCR evidenció 60% de positividad para el inserto, pero algunas de ellas no dejaron descendencia pudiéndose cosechar un 56% de la generación T₂, indicando así, una posible segregación del mismo. En el año 2021, luego de obtener los permisos de CONABIA, se realizó la siembra del material regulado (PCR positivo), generación T₂, dispuestos en 47 líneas consideradas como eventos independientes, que se están analizando por PCR. Dada la aparición de la plaga en el lote, pudieron observarse características diferenciales en cuanto a la presencia de larvas (mínimo 0; máximo 46), pimpollos recolectados (mínimo 0; máximo 64) y capullos cosechados (mínimo 8; máximo 72) por línea. Luego de la campaña se cosecharon las semillas de la generación T₃ de todas las líneas sembradas. Así se superó la barrera de pérdida de fertilidad, observada en plantas transgénicas y se observaron líneas promisorias.

GV 4

CARACTERIZACIÓN DE UN ARNlnc EN LA RESPUESTA A *Fusarium graminearum* Schwabe EN ESPIGAS DE TRIGO CANDEAL

Díaz M., D. Soresi, A. Carrera. Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, UNS y CERZOS (CONICET-UNS), Buenos Aires, Argentina. E-mail: mldiaz@criba.edu.ar

Los ARN largos no codificantes (ARNslnc) (>200 nt) son transcriptos con un rol clave en la respuesta a estreses bióticos y abióticos en plantas. En trigo candeal nuestro grupo identificó previamente ARNslnc diferencialmente expresados en genotecas de espigas inoculadas con *Fusarium graminearum* Schwabe de la variedad susceptible Langdon (LN) y de la línea resistente Langdon(Dic-3A)¹⁰ (LND). El objetivo fue la caracterización del ARNlnc STRG.838404.1, debido a que el mismo se localiza en el segmento introgresado del cromosoma 3A de LND (Qfhs.ndsu-3AS), responsable de la resistencia. Se utilizó como referencia el genoma del cv. Svevo y se analizó mediante qRT-PCR su expresión en espigas infectadas a las 0, 6, 48 y 72 h post-inoculación en ambos genotipos. Se determinó que el mismo tiene una longitud de 316 nt y se encuentra en antisentido en el segundo intrón del gen de la anquirina, insertado junto a un retroelemento. Se identificaron además copias adicionales de STRG.838404.1 en los cromosomas 6A y 4A. El análisis de la expresión mostró que este ARNlnc está inducido significativamente a las 6, 48 y 72 h en LND, que existen diferencias significativas entre los distintos tiempos post-inoculación en LND y que el valor máximo de expresión se da a las 6 h. En LN no se detectó expresión. Concluimos que STRG.838404.1 forma parte de la respuesta a *F. graminearum* en el genotipo resistente, siendo más significativa su participación en las primeras horas desde el ingreso del patógeno. Este ARNlnc se suma a la lista de genes candidatos para la resistencia conferida por Qfhs.ndsu-3AS.

GV 5

EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN RESPUESTA A LA INFECCIÓN CON *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. EN GENOTIPOS CONTRASTANTES DE SOJA

Pardo E. M.¹, S. Reznikov¹, J. Bleckwedel¹, R. Maldonado², M.A. Chiesa². ¹ITANOA (CONICET-EEAOC), Las Talitas, Tucumán, Argentina; ²IICAR (CONICET), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: mchiesa@unr.edu.ar

La Podredumbre Carbonosa (PC) de la raíz de la soja, causada por *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. es una enfermedad muy destructiva en el Noroeste Argentino (NOA) y gran parte de la región núcleo. Aunque el método más eficaz de control de la PC sería la resistencia genética, hasta el momento no se identificaron genes de resistencia en genotipos comerciales de soja. En este contexto, el objetivo fue identificar genes que se expresen diferencialmente a través de una caracterización masiva del transcriptoma en una variedad resistente, R (MunasqaRR), en comparación con otra susceptible, S (DM6.2iRR), en respuesta al patógeno. Para ello, se infectaron plántulas de ambos genotipos bajo condiciones controladas y a partir de ARNm extraído luego de 72 h del inicio de los tratamientos (T) se secuenciaron los transcriptomas mediante MACE (con los respectivos controles y réplicas). Se obtuvieron en promedio 14 millones de lecturas por muestra, 70% representan ARNm y 3% ARNr, el resto no fueron asignadas. Un 98% de las lecturas asignadas fueron mapeadas en el genoma de referencia de la soja. La calidad las lecturas y nucleótidos por fragmentos fue óptima. El análisis de componentes principales (CP) y el mapa de calor global demostraron una diferencia clara entre los T y genotipos (CP1 47%, CP2 23%). Los diagramas de volcán y de dispersión representaron el cambio en la expresión de genes entre cada T vs. su control y las variedades R vs. S. De un total aproximado de 46.000 genes mapeados, se identificaron 1.953 expresados diferencialmente (GED) en MunasqaRR y 1.472 en DM6.2iRR ($p < 0,01$).

GV 6

EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES INDUCIDOS POR LA APLICACIÓN FOLIAR DE BIOINSUMOS EN SOJA

Trejo M.F., M.L. Toulet, N.R. Chalfoun, M.P. Filippone, B. Welin, A.S. Noguera, E.M. Pardo, C.F. Grellet-Bournonville. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Tucumán, Argentina. E-mail: fer3jo@gmail.com

La utilización de productos de origen natural que disminuya el impacto negativo causado por los agroquímicos de síntesis constituye un desafío para lograr mayor sostenibilidad en la agricultura. En ITANOA se caracterizaron dos principios activos capaces de inducir la protección contra la mancha anillada de la soja (*Corynespora cassiicola*), una serin proteasa AsES de origen fúngico y un glicósido de ácido graso (GAG) derivado de hojas de frutilla. En base a estas moléculas patentadas se diseñaron bioinsumos denominados “Plant Stimulation and Protection” (PSP1 y PSP2, respectivamente). El objetivo de este trabajo fue identificar los mecanismos moleculares inducidos por la aplicación foliar de PSP1 y PSP2 en plantas de soja. Para ello, plantas del cv. A8000 RG fueron tratadas con PSP1 2%, PSP2 1,5% y H₂O como control. Se tomaron foliolos a las 6 y 72 h post-aplicación, se extrajo ARN y se llevó a cabo la secuenciación de los transcriptomas de cada tiempo y tratamiento mediante la tecnología Illumina NovaSeq 6000. Se obtuvieron 40 millones de lecturas de buena calidad por muestra y un 70% de ellas fueron mapeadas contra el genoma de referencia de la soja. Los resultados indicaron que el tratamiento con PSP2 indujo mayores cambios globales en la expresión diferencial de genes respecto al PSP1, tanto en intensidad como en el número de vías activadas ($p < 0,05$). Plantas de soja tratadas con ambos bioinsumos manifestaron una protección del 48% frente a la mancha anillada en relación al control, sin embargo, los perfiles transcriptómicos activados fueron diferentes.

GV 7

OPTIMIZACIÓN DE TÉCNICAS DE REGENERACIÓN *IN VITRO* Y TRANSFORMACIÓN GENÉTICA MEDIADA POR *Agrobacterium tumefaciens* EN *Lotus tenuis* (Wald et. Kit)

Gutierrez F.G.¹, M.A. Affinito¹, M.L. Roldán², M.A. Maciel^{1,3}, A.H. Díaz Paleo². ¹Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Argentina; ²EEA INTA Pergamino, Pergamino, Argentina; ³CITNOBA (CONICET-UNNOBA-UNSA DA), Pergamino, Argentina. E-mail: florencia_gutierrez_@hotmail.com

Lotus tenuis (Wald et. Kit) es una importante forrajera en suelos con limitantes edafoclimáticas. Para favorecer la cría de ganado en estos suelos es necesario disponer de cultivares de alta productividad con tolerancia incrementada a estreses abióticos, lo cual puede lograrse con el apoyo de herramientas biotecnológicas. El objetivo de este trabajo fue optimizar técnicas de regeneración *in vitro* y transformación mediante *Agrobacterium tumefaciens* en *Lotus tenuis*. Para esto se evaluó el porcentaje de regeneración de folíolos de cuatro genotipos de diversos orígenes a los 19, 30, 35, 45 y 60 días en un diseño experimental completamente aleatorizado con seis repeticiones. Se realizó ANOVA de dos factores. El genotipo PampaWT presentó mayor regeneración hasta los 35 días. Se repitió el ensayo con PampaWT comparando lugar de cultivo: invernáculo, sala de crecimiento e *in vitro*. Los explantes (folíolos) provenientes de plantas *in vitro* presentaron mayor regeneración. Posteriormente, se realizó transformación mediante *A. tumefaciens* cepa GV3101 portador del plásmido pCambia2301 que permite la expresión constitutiva del gen reportero *gusA-intrón*. Se comparó la transferencia de ADN mediante la adición o no del compuesto fenólico acetosiringona. Existió asociación (Chi cuadrado, $p=0,003$) entre el co-cultivo con acetosiringona y la presencia de tinción azul en los explantes, dada por la expresión del gen *gusA*. En conclusión, la regeneración *in vitro* de la especie dependió del genotipo y su lugar de cultivo, y la adición de acetosiringona incrementó la eficiencia de transformación genética.

GV 8

MODO REPRODUCTIVO DE *Hippeastrum striatum* (Lam.) H. E. Moore AMARYLLIDACEAE

Rodríguez Mata O.A., A.I. Honfi, J.R. Daviña. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN-UNaM, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: orlandor761@gmail.com

Hippeastrum striatum (Lam.) H. E. Moore posee alto valor ornamental y fitoquímico porque sintetiza alcaloides con actividad biológica antiviral y anticolinesterásica. Sin embargo, sus flores son mayoritariamente estériles y no producen semillas. El objetivo del trabajo fue describir el modo reproductivo de dos citotipos (2x, 5x) de esta especie. Se obtuvo el nivel de ploidía mediante citometría de flujo de al menos 30 individuos de 16 accesiones provenientes del noreste argentino de *H. striatum* y se encontraron dos citotipos: A) diploide ($2n=2x=22$), dos accesiones de comportamiento alógamo, que producen suficiente polen viable pero solo eventualmente producen semillas; y B) pentaploide ($2n=5x=55$), 14 accesiones que producen polen viable, pero no semillas. Se determinó la vía reproductiva funcional de cinco semillas individuales y un pool de cinco semillas al azar por cada accesión diploide, mediante citometría de flujo, y se analizó la compatibilidad polen-pistilo de al menos 15 flores por cada accesión pentaploide estéril, mediante diafanizado y coloración con azul de anilina. Se consideró germinado el grano de polen cuyo tubo polínico presentó una longitud mayor al diámetro del grano. Se reveló la sexualidad como vía de reproducción que forma semillas en las accesiones diploides, con una relación del contenido relativo de ADN del embrión: endospermo 2C:3C. En las accesiones pentaploides el polen germinó en el estigma a partir de las 24 horas post-antesis. Sin embargo, ningún tubo polínico alcanzó la región micropilar de los óvulos maduros, lo que indica la esterilidad por autoincompatibilidad.

GV 9

IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS CON CARACTERÍSTICAS SUPERIORES DE *Turnera sidoides* L. (PASSIFLORACEAE, TURNEROIDEAE) CON POTENCIAL ORNAMENTAL

Solis C.J., I.E. Kovalsky, V.G. Solís Neffa. Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Corrientes, Argentina. E-mail: cristianjaviersolis10@gmail.com

Turnera sidoides L. es un complejo autoploiploide ($x=7$) de hierbas rizomatosas perennes que constituye un modelo interesante para su desarrollo como ornamental debido a la variación en las formas de las hojas, el grado de incisión de la lámina foliar y el color de las flores. En el marco de un plan de mejoramiento para el cultivo en maceta de *T. sidoides*, el objetivo de este trabajo fue evaluar la variabilidad de algunas características de interés ornamental existente en poblaciones naturales representativas de las subespecies y morfotipos del complejo e híbridos intersubespecíficos experimentales. Para ello, se caracterizó el color de la corola y de las hojas usando la carta colorimétrica de Royal Horticultural Society. Además, se evaluó la duración del período de floración, el número de flores abiertas por día, el número de ramas florecidas y el área de la corola de 78 individuos provenientes de 39 poblaciones naturales y de 17 híbridos. Para cada característica cuantitativa se estimó el promedio, el desvío estándar, el rango de variación y se confeccionaron gráficos de barras. Se comprobó que en las poblaciones naturales provenientes de Uruguay y en algunos híbridos el color de las flores era homogéneo, mientras que en otras poblaciones provenientes de Capilla del Monte (Córdoba, Argentina) se observaron diferencias de color en las distintas partes del pétalo. Sin embargo, el color de las hojas no varió sustancialmente entre individuos. Las poblaciones naturales de Mercedes (Corrientes, Argentina) y Cuña Pirú (Rivera, Uruguay) presentaron un período de floración más prolongado y mayor área de la corola, mientras que los híbridos presentaron un promedio mayor de flores abiertas por día y de ramas florecidas. A partir de estos resultados, se identificaron genotipos con caracteres ornamentales superiores en promedio para ser incorporados a un programa de cruzamientos controlados.

GV 10

EFFECTO DEL ESTRÉS SALINO SOBRE EL CONTENIDO DE FITOQUÍMICOS Y LA CAPACIDAD ANTIOXIDANTE EN VARIEDADES DE ZANAHORIAS MORADAS

Mauricci M.T.^{1,2}, A. Paez Tissera³, M.B. Perez^{1,2}, F. Bannoud^{1,2}, S. Carvajal^{1,2}, P.F. Cavagnaro^{1,2,3}. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ²EEA La Consulta - Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), San Carlos, Mendoza, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: mmauricci@agro.uba.ar

Las raíces de zanahorias moradas acumulan antocianinas y otros compuestos fenólicos no antociánicos que poseen propiedades benéficas para la salud, destacándose su capacidad antioxidante (CA). En el marco del programa de mejora genética de zanahorias del INTA estamos ensayando variedades de zanahoria morada. En la región de Cuyo, buena parte de las zonas productoras hortícolas poseen elevada salinidad. El presente trabajo evaluó el efecto de la salinidad sobre el contenido de antocianinas (AT) y fenoles totales (FT) y la CA en cuatro variedades de zanahorias moradas cultivadas en macetas y expuestas a tres niveles de salinidad (administrada en el agua de riego): 800 (Control), 2.000 y 4.000 $\mu\text{mhos/cm}$. En tres momentos desde el inicio del tratamiento salino (60, 90 y 120 días) se tomaron muestras de raíces y se determinó AT, FT y CA por el método de pH diferencial, Folin-Ciocalteu y FRAP, respectivamente. Se encontró variabilidad significativa ($p < 0,05$) entre las variedades y entre los tratamientos para todas las variables ensayadas, con incrementos de las variables directamente relacionados al nivel de salinidad (i.e., a mayor salinidad, mayores niveles de AT, FT, y CA). Al final del tratamiento (120 días) y para todas las variedades, el rango de incrementos porcentuales en el máximo nivel de salinidad, respecto al control, fue 24,51-32,90%, 15,40-35,86%, y 19,57-42,11% para AT, FT y CA, respectivamente. Los resultados sugieren que el estrés por salinidad promueve la síntesis de antocianinas y polifenoles, con el consecuente aumento de la capacidad antioxidante.

GV 11

PLOIDÍA Y RELACIONES DE COMPATIBILIDAD POLEN-ESTIGMA/ESTILO EN UNA COLECCIÓN DE *Stevia rebaudiana* Bertoni CONSERVADA EN LA EEA INTA FAMAILLÁ, TUCUMÁN.

Budeguer C.J¹, E.L. Camadro² L.E. Erazzú³. ¹Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina; ²Unidad Integrada EEA "Domingo Pasquale" Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata y CONICET, Argentina; ³Estación Experimental Agropecuaria INTA, Famaillá, Tucumán, Argentina. E-mail: carlos.budeguer@faz.unt.edu.ar

Stevia rebaudiana Bertoni (Asteraceae; $2n=2x=22$) es una especie de valor económico que se reproduce por semillas y esquejes. Tiene flores hermafroditas de 7 mm de longitud y, alto porcentaje de alogamia debido a un sistema de autoincompatibilidad esporofítica. En 2013, y con fines de mejoramiento genético, se formó una colección de trabajo en la EEA INTA Famaillá, con introducciones provenientes de campos de productores de cuatro provincias: Tucumán, Jujuy, Misiones y Formosa. Dada la escasa y controvertida información disponible sobre la biología reproductiva de esta especie -y como parte de un proyecto mayor- en 56 plantas individuales se determinó la ploidía mediante el recuento de cromosomas en células de ápices radicales o de cloroplastos en células oclusivas de estomas; todas ellas fueron diploides. En tres años consecutivos se realizaron cruzamientos manuales en forma aleatoria entre 30 plantas con alta viabilidad de polen y se estudiaron, por microscopía de fluorescencia, las relaciones polen-estigma/estilo en pistilos polinizados. En 156 de 168 combinaciones genotípicas se observaron granos de polen germinados sobre el estigma que no penetraban en el mismo (incompatibles) y en 12 se observaron algunos tubos polínicos que llegaban al ovario (compatibles). La incompatibilidad observada puede deberse a la expresión de autoincompatibilidad esporofítica o de incompatibilidad cruzada. A pesar de la fuerte incompatibilidad detectada, es posible planificar cruzamientos dirigidos con fines de mejoramiento genético dentro de la colección.

GV 12

EFFECTO DE INTROGRESIONES SILVESTRES SOBRE LA CALIDAD DEL FRUTO EN POBLACIONES F_2 DERIVADAS DEL CRUZAMIENTO ENTRE LÍNEAS CASI ISOGÉNICAS DE TOMATE

Brulé F.F.S.¹, M. Di Giacomo¹, V. Cambiaso^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}, J.H. Pereira da Costa^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: brule@iicar-conicet.gob.ar

Los genes de las especies silvestres de tomate pueden extender la vida poscosecha (VP) y mejorar la calidad del fruto. El objetivo fue analizar el efecto sobre caracteres de calidad de fruto que tienen introgresiones silvestres de la accesión LA0722 de *Solanum pimpinellifolium* L. en el contexto genético del cultivar Caimanta de *S. lycopersicum* L. Se caracterizaron tres poblaciones F_2 derivadas del cruzamiento entre líneas casi isogénicas (NIL) de tomate de alta VP. Se usaron como testigos 10 plantas de cada NIL (N069, N034, N320 y N327) y F_1 : F_1A (N069xN034), F_1B (N320xN327), F_1C (N320xN069), y se evaluaron 90 plantas de cada F_2 : F_2A (N069xN034), F_2B (N320xN327) y F_2C (N320xN069). Se midió firmeza, índice de color a/b y VP en seis frutos por planta ($N=2.040$). Se compararon los valores medios por ANOVA seguido de la prueba de Tukey. La heredabilidad en sentido amplio (H^2) se estimó por el método de ANOVA. Se encontraron diferencias significativas ($p<0,01$) entre progenitores y F_1 para todos los caracteres (excepto entre N320, N069 y su F_1) y entre plantas en las tres F_2 . En F_2A y F_2B , se observó segregación para color de fruto, siendo N327 y N034 de frutos rojos y, N320 y N069, de frutos amarillos. Las H^2 para firmeza fueron 0,82, 0,80 y 0,75, para índice a/b 0,97, 0,96 y 0,47, y para VP 0,76, 0,82 y 0,64 en F_2A , F_2B y F_2C , respectivamente. Se concluye que más del 64% de la variabilidad observada en firmeza y VP es atribuible a la segregación de las introgresiones silvestres en las tres poblaciones F_2 , no así para a/b en F_2C cuya variación fue explicada mayormente por el ambiente.

GV 13

DETECCIÓN Y VALIDACIÓN DE QTLs EN GENERACIONES F₂ Y FAMILIAS F₂-F₃ RECÍPROCAS DE TOMATE

Pérez Marder H., J.H. Pereira Da Costa, V. Cambiaso, G.R. Rodríguez. Instituto de Investigación en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina. E-mail: perezmarder@iicar-conicet.gob.ar

El efecto recíproco (ER) es el cambio en el valor medio de un carácter cuantitativo al invertir el rol sexual de los genotipos progenitores del cruzamiento o el híbrido. El objetivo fue validar *QTLs* para caracteres de calidad de fruto y evaluar la persistencia del ER mediante pruebas de progenie. En estudios previos se detectaron *QTLs* en poblaciones F₂ derivadas del cruzamiento entre el cultivar Caimanta de *Solanum lycopersicum* L. y la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium* L. y su recíproco. Aquí, se seleccionaron 16 familias F₂:F₃ recíprocas para validar los *QTLs* y la persistencia del ER en la detección. Las plantas F₂ que dieron origen a las familias F₂:F₃ fueron seleccionadas por ser heterocigotas para el locus asociado al *QTL*. Cada familia segregante estuvo compuesta por 30 plantas y fue evaluada para la característica asociada al *QTL*. En frutos en estado pintón se evaluó: peso (en g), diámetro (en cm), altura (en cm), número de lóculos y vida poscosecha (Vp). En frutos maduros se evaluó: sólidos solubles (en °Brix), pH, y color a través de los índices a/b y L. Cada familia F₂:F₃ fue caracterizada por el marcador molecular asociado al *QTL* en la F₂ y se hizo una nueva detección de *QTLs* mediante el análisis de un solo punto para la validación. Siete *QTLs* para características de calidad de fruto se validaron en familias F₂:F₃. Se encontró persistencia en familias F₂:F₃ del ER observado en F₂ para el número de lóculos y la altura de los frutos. Se concluye que fue posible validar en familias F₂:F₃ *QTLs* para caracteres de calidad de fruto y la persistencia del ER en su detección.

GV 14

EFFECTO DE LA SEGREGACIÓN DE LOS CROMOSOMAS 2 Y 8 SOBRE LA MORFOLOGÍA DEL FRUTO EN TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)

Godoy F.N.I.¹, D.V. Vazquez¹, V. Cambiaso^{1,2}, J.H. Pereira da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. Email: godoy@iicar-conicet.gob.ar

En tomate (*Solanum lycopersicum* L.) el índice de forma del fruto (IF) es controlado por el gen *FS8.1* del cromosoma 8 (cr.8). Existe evidencia que la región del cr.2 entre 54,6 y 55,2 Mb también controla el IF. En este trabajo se buscó confirmar el efecto de dicha región sobre caracteres morfológicos del plano longitudinal del fruto en retrocruzas autofecundas de tomate, considerando efectos fijos de *FS8.1*. Se evaluaron seis familias F₃-BC₁-S₂, derivadas del cruzamiento entre el cultivar Rio Grande y la accesión LA1589 de *S. pimpinellifolium* L., que segregan para *FS8.1* y la región de interés del cr.2. Seis frutos por planta (N=733) fueron pesados, cortados y escaneados para medir trece caracteres morfológicos con *Tomato Analyzer 3.0*. Se caracterizó la población para *FS8.1* y la región de interés del cr.2 como en el trabajo previo, con cuatro marcadores ubicados entre 51,1 y 55,2 Mb. Se determinó la asociación entre fenotipo y marcadores mediante prueba t y ANOVA a un factor, para las distintas combinaciones genotípicas entre la región del cr.2 y *FS8.1*. Todos los marcadores del cr.2 se asociaron al ángulo proximal del fruto en todas las familias, y a peso, ángulo distal de fruto y forma obovoide en algunas de ellas. Sólo el marcador del cr.2 ubicado a 51,1 Mb, con *FS8.1* homocigota para ambos alelos, se asoció a IF en algunas familias. Se concluye que la región del cr.2 ejerce un efecto sobre la morfología de fruto de tomate, detectable bajo efectos fijos de *FS8.1*. A diferencia de los antecedentes, la porción superior de la región evaluada del cr.2 controlaría el IF.

GV 15

ESTIMACIÓN DE LA HEREDABILIDAD EN SENTIDO ESTRICTO EN FAMILIAS F_5 DERIVADAS DE UN HÍBRIDO DE SEGUNDO CICLO DE TOMATE

Goytia Bertero V.¹, M. Ambrogio², C.B. Ruiz², P. Cacchiarelli³, G.R. Pratta³, D.P. Arce¹. ¹CIT-San Nicolás, CONICET, San Nicolás, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; ³Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: valengoytia19@gmail.com

La heredabilidad es un parámetro de importancia a tener en cuenta en el diseño de estrategias eficaces para el manejo de las poblaciones en los programas de fitomejoramiento (PF). El objetivo fue estimar la heredabilidad en sentido estricto (h^2) para caracteres del fruto de tomate en familias F_5 derivadas por selección antagónica-divergente del cruzamiento ToUNR18 x ToUNR1, híbrido de segundo ciclo entre líneas endocriadas recombinantes obtenidas en el PF del grupo de investigación. Se analizaron 14 familias para las variables diámetro (D), altura (A), forma (F), peso (P), vida poscosecha (VP) y 13 para dureza (Du). Las comparaciones entre familias se realizaron a través de ANOVA con efectos aleatorios a un criterio de clasificación, siendo $h^2 = 15/14 t$ (factor de corrección). Los valores de h^2 fueron: $0,66 \pm 0,08$ para D; $0,61 \pm 0,08$ para A; $0,27 \pm 0,05$ para F; $0,55 \pm 0,07$ para P; $0,51 \pm 0,07$ para VP y $0,31 \pm 0,07$ para Du. Dado que en esta generación F_5 aún existe variancia aditiva significativa para caracteres de calidad de fruto y que una respuesta exitosa a la selección artificial se logra a expensas de este componente, la heredabilidad en sentido estricto para todos los caracteres, excepto VP y Du, fue menor a la observada en la F_4 . Sin embargo, al ser valores significativos, es posible continuar con la selección antagónica-divergente en este segundo ciclo de mejoramiento y avanzar hacia la obtención de nuevas líneas mejoradas capaces de satisfacer la demanda del mercado.

GV 16

PROSPECCIÓN Y COLECTA DE GERMOPLASMA DE PAPA SILVESTRE EN ÁREAS PROTEGIDAS DEL NOROESTE DE ARGENTINA

Digilio A., A. López Méndez. EEA Balcarce INTA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: digilio.ariana@inta.gob.ar

En Argentina se reconocen 18 especies silvestres de papa (ESP) correspondientes al género *Solanum* (sección Petota y Etuberosum). Las ESP representan una fuente valiosa de genes para el mejoramiento genético de la papa cultivada. Como objetivo general de un proyecto mayor se propuso: a) continuar explorando la diversidad genética de las ESP con énfasis en áreas protegidas y b) caracterizar morfológica, citogenética y molecularmente las poblaciones encontradas. En relación al primer objetivo, en la campaña de abril de 2022, se exploró por primera vez el Monumento Natural Laguna de Los Pozuelos y Parque Nacional Aconquija – portal Cochuna. En total se exploraron 18 sitios, recolectando las especies objetivo y flora acompañante. Se obtuvieron ejemplares de herbario, plantas vivas/tubérculos y/o frutos, hojas en sílica gel y botones florales. Además, se registraron datos de pasaporte y se tomaron fotografías. Se reconocieron poblaciones de *S. acaule* Bitter (cinco), *S. chacoense* Bitter (cinco) y *S. microdontum* Bitter (ocho). Se mantienen en invernáculo 82 plantas que serán empleadas para la realización de las caracterizaciones propuestas. A partir de los frutos se conformaron las muestras de semillas para su posterior regeneración e incorporación en el banco de germoplasma de la EEA INTA Balcarce. La exploración de nuevos sitios permitió profundizar el conocimiento de las ESP en sus ambientes naturales y a su vez, incrementar la diversidad genética de estas especies conservadas en el banco activo de germoplasma.

GV 17

VIABILIDAD Y VARIABILIDAD DEL TAMAÑO DE LOS GRANOS DE POLEN EN UNA POBLACIÓN DE *Solanum chacoense* Bitter DEL SE BONAERENSE

Echeverría M.M., J.F. Maune. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mecheverria@mdp.edu.ar

La papa común, *Solanum tuberosum* L. ($2n=4x=48$) es uno de los cultivos de mayor importancia mundial en cuanto a superficie plantada. Debido a su estrecha base genética, es de especial interés la introgresión de genes de especies silvestres emparentadas mediante cruzamientos controlados, muchas veces complejos por la presencia de barreras internas a la hibridación. En este marco, se estudió una población espontánea de papa silvestre, morfológicamente afín a *S. chacoense* Bitter ($2n=2x=24$), que crecía como maleza en un lote de la EEA INTA Balcarce y presentaba características de interés agronómico. Mediante tinción con carmín acético, se analizó viabilidad y la variabilidad del tamaño de granos de polen (GP) en 32 plantas. Los porcentajes de viabilidad observados fueron altos (>90% en 21 plantas), solo tres genotipos tuvieron viabilidad <40%. El tamaño medio de los GP fue variable entre los genotipos (18,5µm a 24,8µm). Para cada genotipo, se observaron GP de tamaño esperado (n) (32,4% a 73,1%) de menor tamaño (< n) (12,7% a 37,8%) y de mayor tamaño (> n) (13,9% a 33,2%). En todos los genotipos se detectaron GP $2n$ (con número cromosómico no reducido) (0,7% a 12,13%), pero solo en ocho plantas se detectaron GP $4n$ (0,2% a 2,9%). El conocimiento de la presencia de genotipos que produzcan gametos $2n$ es importante para diagramar cruzamientos, utilizando estos genotipos como puente para la introgresión de genes desde *S. chacoense* ($2x$) a *S. tuberosum* ($4x$) en lo que constituye uno de los primeros pasos en un programa de pre mejoramiento.

GV 18

VIABILIDAD POLÍNICA Y RELACIONES POLEN-PISTILO EN PLANTAS DE PAPAS SILVESTRES DE POBLACIONES NATURALES Y MALEZAS DE UN CULTIVO DE PAPA EN TUCUMÁN

Poulsen Hornum A.¹, E.L. Camadro^{1,2}, L.E. Erazú^{3,4}. ¹Unidad Integrada: Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Bs. As., Argentina, ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ³EEA Famaillá, INTA, Tucumán, Argentina; ⁴Facultad de Agronomía y Zootecnia (FAZ), Universidad Nacional de Tucumán (UNT), Tucumán, Argentina. E-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

Las papas silvestres (*Solanum* sp.) -en su mayoría diploides ($2n=2x=24$)- pueden hibridarse artificialmente con las papas cultivadas ($4n=4x=48$) cuando las barreras reproductivas internas son incompletas. Hay datos de flujo génico entre papas silvestres y cultivadas en condiciones experimentales de campo, pero no en la naturaleza. En Tafí del Valle, Tucumán -zona productora de papa "semilla"- se encontraron dos poblaciones naturales separadas por 12 km (P1 y P2) y, a 100 m de P1, un cultivo de papa (R) con plantas de papas silvestres (M) y de otro cultivar (B) como malezas. Los fenotipos morfológicos fueron variables en los tres sitios, en los que se muestrearon aleatoriamente botones florales, flores abiertas y pistilos polinizados. El promedio de viabilidad del polen en plantas individuales -estimada indirectamente por tinción con carmín acético- fue (a) en el campo cultivado, 0,00% (R) y 64,7% (B) -esperable en tetraploides tetrasómicos- y 59,8% (M, $n=8$); (b) en las poblaciones naturales, 54,1% (P1, $n=7$) y 92,7% (P2, $n=5$), con variabilidad en tamaño de los granos viables e inviables (n =normal, < n , > n). La meiosis en plantas con ≤65% de polen viable fue irregular, lo que indica un posible origen híbrido o poliploide de M y P1. En 20 pistilos analizados por microscopía con luz UV se observó compatibilidad total o parcial e incompatibilidad polen-pistilo con distintas reacciones. El sistema encontrado permitirá obtener datos de flujo génico en condiciones naturales para establecer estrategias de manejo en áreas de superposición de papas silvestres y cultivares transgénicos.

GV 19

EFFECTO DE LA HIBRIDACIÓN ENTRE ESPECIES SILVESTRES DE PAPA DE DISTINTAS PLOIDÍAS. ANÁLISIS FENOTÍPICO Y CITOGENÉTICO DE HÍBRIDOS ANEUPLOIDES

Cara N., C. Prigione, P.C. Kozub, C.F. Calise, M.V. Bertoldi, R.W. Masuelli. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: ncara@fca.uncu.edu.ar

Las papas silvestres (*Solanum*, sección *Petota*) abarcan más de 100 especies con una gran diversidad morfológica y adaptadas a una amplia variedad de ambientes. La hibridación homoploide (entre especies de igual ploidía) y la poliploidización han sido muy estudiados y se han propuesto como los principales mecanismos involucrados en el origen y diversificación de estas especies; mientras que el rol de la hibridación interploide y la aneuploidía en la generación de diversidad genética ha sido poco abordado. Entre las papas silvestres de Argentina, *Solanum x rechei* Hawkes & Hjert. ofrece excelentes oportunidades para estudiar estos fenómenos, ya que es un híbrido interploide entre *Solanum kurtzianum* Bitter & Wittm. (diploide, $2n=2x=24$) y *Solanum microdontum* Bitter (triploide, $2n=3x=36$). El objetivo del proyecto fue caracterizar morfológica, citológica y genéticamente, híbridos aneuploides originados mediante cruzamientos controlados entre el triploide *S. microdontum* y el diploide *S. kurtzianum*, como así también genotipos silvestres del híbrido natural *S. x rechei*. Se efectuaron 216 cruzamientos interploides y seis cruzamientos intraploides control, de los cuales se establecieron finalmente 12 y 13 plantas, respectivamente. Con este material, más ocho genotipos de *S. x rechei*, se realizó una completa caracterización morfológica. Además, se realizaron conteos cromosómicos y estimación del tamaño de genoma por citometría de flujo. Se encontró mayor variabilidad fenotípica en híbridos interploides respecto a los intraploides, la cual podría ser producto de la aneuploidía generada.

GV 20

EFFECTOS GENOTÍPICOS Y AMBIENTALES SOBRE EL CONTENIDO DE FITOQUÍMICOS, ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE Y SÓLIDOS TOTALES EN EL GERMOPLASMA ARGENTINO DE AJO

Perez M.B.^{1,2}, M.T. Mauricci^{1,2}, L. Togno², A. Paez Tissera³, P.F. Cavagnaro^{1,3}. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) EEA La Consulta, San Carlos, Mendoza, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: cavagnaro.pablo@inta.gob.ar

El ajo (*Allium sativum* L.) posee múltiples efectos benéficos para la salud, debido al contenido de compuestos fenólicos y organosulfurados. Por ello, en este trabajo se caracterizaron 95 accesiones del banco de germoplasma de ajo del INTA La Consulta (Mendoza, Argentina), cultivadas en dos localidades (La Consulta y Lujan de Cuyo), para contenido de sólidos, compuestos organosulfurados (mediante análisis de piruvato) y compuestos fenólicos (por el método de Folin Ciocalteu). Además, se determinó la capacidad antioxidante por ABTS, DPPH y FRAP. Considerando todas las accesiones y localidades, los niveles de piruvato variaron de 8,8-53,9 $\mu\text{mol/kg}$ peso fresco (pf) y los de fenoles de 314,4-1736,4 mg ácido gálico/kg pf. La capacidad antioxidante medida por los diferentes métodos varió de 31,1-4928,1 mg Trolox/kg pf. El contenido de sólidos varió entre 28,3% y 44,5%. El genotipo explicó 29%, 45%, 66% y 20-44%, de la variabilidad observada para piruvato, fenoles, sólidos y actividad antioxidante medida por los distintos métodos, respectivamente. El ambiente y su interacción con el genotipo explicaron, conjuntamente, el 25%, 43%, 31% y 23-42%, de la variabilidad observada para estos caracteres, respectivamente. Estos resultados indican que los niveles de piruvato, fenoles y sólidos, y la capacidad antioxidante del ajo están condicionados genética y ambientalmente. El amplio rango de variación encontrado para todos los caracteres sugiere que será posible seleccionar genotipos de alto valor funcional para su incorporación al programa nacional de mejoramiento genético.

GV 21

BÚSQUEDA DE MARCADORES SSR POLIMÓRFICOS A PARTIR DE ddRADseq EN CULTIVARES DE PECÁN (*Carya illinoensis* (Wangenh) K. Koch)

Aguirre N.C., J.G. Rivas, P. Villalba, M. García, C. Acuña, A.L. Grassi, E. Frusso, D. Ceballos, M.C. Martínez, S. Marcucci Poltri. IABIMO (INTA – CONICET), Buenos Aires, Argentina. E-mail: aguirre.natalia@inta.gob.ar.

El pecán, *Carya illinoensis* (Wangenh) K. Koch, es un cultivo en creciente expansión en Argentina. El INTA introdujo 27 cultivares provenientes del USDA-ARS Pecan Breeding and Genetics Program, EE.UU. Estos fueron multiplicados y caracterizados por morfología de la nuez y fenología, inscribiéndose 18 cultivares en el RNC y dos en el RNPC del INASE. Si bien se dispone de un sistema de marcadores microsatélite (SSR) para la identificación inequívoca y trazabilidad de los cultivares inscriptos, el mismo presenta un agotamiento en su poder de discriminación debido al aumento de cultivares presentes en el país con bajo grado de diferenciación molecular. El objetivo del trabajo fue la búsqueda de nuevos marcadores SSR como paso inicial a su desarrollo. Para esto se empleó ddRADseq (double digest Restriction site-Associated DNA sequencing), sobre material de los cultivares Pawnee, Osage, Riverside y Western. Se realizó la búsqueda bioinformática de SSR polimórficos entre las cuatro muestras y los genomas de referencia Pawnee, Elliot, Lakots y Oaxaca disponibles en el National Center for Biotechnology Information; se utilizaron los programas Bowtie2, Stacks y MISA. Como resultado para las cuatro muestras, un 80% de las secuencias mapearon en promedio con cada genoma, se detectó un total de 51 SSR putativos polimórficos distribuidos en todos los cromosomas, registrándose de dos a seis alelos por marcador. La estrategia empleada permitió encontrar y establecer un ranking de polimorfismo como guía para el desarrollo de nuevos SSR aplicables a los cultivares de pecán.

GV 22

USO DE MARCADORES MICROSATÉLITES PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES DE *Amburana cearensis* (Fr. Allem.) A.C. Sm.

Soldati M.C.¹, M.F. Navarro², P. Názaro³, N. Politi³, L. Rivera³, E. Balducci⁴. ¹Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, INTA, Buenos Aires, Argentina; ²ESCEyN, Universidad de Morón, Buenos Aires, Argentina; ³INECOA (CONICET-UNJU), Jujuy, Argentina; ⁴EEA Yuto, INTA, Jujuy, Argentina. E-mail: soldati.maria@inta.gob.ar

Amburana cearensis, también conocida como roble criollo, es una especie forestal de alto valor económico y ecológico, cuya distribución en Argentina se da en Salta y Jujuy, en el pedemonte de las Yungas. Si bien su aprovechamiento forestal se encuentra prohibido, la especie está categorizada como especie en peligro por la UICN, a causa de un aprovechamiento desmedido. A fin de conservar las poblaciones remanentes de la especie e identificar futuras fuentes de selección para programas de mejora y/o restauración, ensayamos la amplificación de 10 marcadores microsatélites (SSRs) desarrollados para poblaciones naturales de Brasil. Estos marcadores son una herramienta útil para realizar una evaluación genética de la especie que brinde mayor información sobre el estado de conservación del recurso forestal. Con el objeto de contar con un conjunto de marcadores SSR útiles para analizar las poblaciones de Argentina, evaluamos los patrones de amplificación de los SSR sobre 20 individuos de *A. cearensis* pertenecientes a dos poblaciones remanentes de Argentina localizadas en la provincia de Jujuy. Se detectó amplificación positiva para la totalidad de los SSRs, polimorfismo positivo para nueve y amplificación inespecífica para uno. Se observaron más de 25 variantes alélicas en los marcadores polimórficos. El PIC varió entre 0,42 y 0,93, evidenciando un buen poder discriminatorio de los marcadores. Se detectó un conjunto de nueve marcadores altamente variables para estudios de genética poblacional en la especie, que contribuirán a generar información para definir estrategias de conservación del roble criollo.

GEDU

GENÉTICA Y EDUCACIÓN

GENETICS AND EDUCATION

GEDU 1

REPRESENTACIONES DE LA POBLACIÓN ESTUDIANTIL SOBRE LAS TERAPIAS DE EDICIÓN GENÉTICA

Ormart E., F. Brunetti. Facultad de Psicología, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: eormart@gmail.com

Las posibles aplicaciones de la ingeniería genética han traído amplios cuestionamientos por su trasfondo bioético. Es por ello que decidimos administrar un cuestionario en *Google Forms* en el que se indaga sobre la valoración ética que la población estudiantil hace acerca de sus aplicaciones. Se ha utilizado un diseño no experimental, anónimo y voluntario (N= 350). Observamos que la mayoría (87%) de los encuestados dicen estar de acuerdo en utilizar este tipo de tecnología para evitar enfermedades genéticas, mientras que se postulan en desacuerdo con la edición de rasgos físicos (81%) o la dotación de capacidades (66%). Esta tendencia es concomitante con la resaltada por la revista *Nature* por una encuesta similar realizada en Reino Unido. Asimismo, la investigación indaga no sólo el grado de aceptación de las aplicaciones de estas tecnologías en distintos rubros, sino también denota en qué organismos se cree que sus aplicaciones serían más adecuadas. Encontramos que el 73% de los encuestados consideran estar en desacuerdo con la aplicación de la ingeniería genética en animales, mientras que el 63% lo desaprueba en embriones y un 46% en células humanas. De modo que, se valora más la integridad de los animales por sobre la de embriones o células humanas. Mayoritariamente la población ha escuchado hablar sobre la clonación de la oveja Dolly (79%), pero no sobre la tecnología de CRISPR/Cas9 (19%). Este último descubrimiento tuvo menos difusión mediática, aunque sea de mayores aplicaciones en la actualidad.

GEDU 2

HERRAMIENTAS DIGITALES PARA LA EVALUACIÓN DE LAS COMPETENCIAS DE COMUNICACIÓN ORAL EN GENÉTICA

Baltian L.R., D.L. Peratta, E.E. Schmidt, P. Ramirez. Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLPam, La Pampa, Argentina. E-mail: lbaltian@vet.unlpam.edu.ar

En la cátedra de Genética y Mejoramiento Animal se observó en el estudiantado la carencia de recursos discursivos para organizar una exposición oral. Antes de la Pandemia COVID-19 se trabajó en los seminarios de Biotecnología con presentaciones orales utilizando herramientas informáticas. Durante la pandemia, se empleó un instrumento institucional como la plataforma Moodle, donde se pueden incrustar otras herramientas digitales como el Padlet que admite que se suban documentos y videos. El objetivo del presente trabajo fue realizar una evaluación formativa virtual de los trabajos de Biotecnología que contribuya al desarrollo de las competencias de la comunicación oral. La clase fue de 80 estudiantes. Se trabajó con grupos de cinco integrantes durante 20 días hábiles, con clases tutoriales. Cada uno abordó un tema biotecnológico y debió indagar en la información pertinente. Los estudiantes subieron las exposiciones en el Padlet. Para evaluar los aprendizajes en la exposición oral utilizamos los videos y una rúbrica con tres categorías: organización, estilo de presentación e información y conocimientos sobre el tema abordado, con puntajes para cada una de ellas. Las diferencias observadas con respecto a la presencialidad estuvieron en la organización de una manera lógica de los conceptos, mayor predisposición a expresar sus conocimientos en el área con el vocabulario apropiado y mejor uso de las herramientas digitales. El video y la rúbrica se presentan como instrumentos para evaluar los aspectos comunicacionales y cerrar el seminario de Biotecnología de forma híbrida.

GEDU 3**EXTENSIÓN: GENÉTICA, DEL AULA A LA COMUNIDAD**

Auteri M., L. Lanutti, F. Pantuso, C. Randazzo, F. Stella. Escuela Superior de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad de Morón, Buenos Aires, Argentina. E-mail: micolauteri@yahoo.com.ar

En el mundo interconectado, el acceso a la información es más sencillo que nunca. No obstante, esta facilidad conlleva el riesgo de que la información no siempre llegue al público correctamente. Es por ello, que un rol académico activo es necesario para difundir conocimientos altamente relevantes. Como docentes de la Universidad de Morón (UM), propusimos realizar un proyecto de extensión basado en charlas informativas-interactivas sobre dos ejes de interés: relación Genética-Dieta (Epigenética) y Genética-Reproducción (Fertilidad Asistida). En el primer eje enfatizamos en la importancia de la alimentación saludable y su influencia en la expresión de los genes, impactando en nuestra salud y la de nuestros descendientes. Por otro lado, el abordaje sobre Genética y Reproducción tiene como objetivo informar sobre estudios pre-implantatorios, crioconservación de gametas y embriones, comunicando aspectos genéticos y éticos de la reproducción asistida. Para concretar la difusión comenzamos en ámbitos educativos (docentes y estudiantes de escuelas secundarias), para luego escalar la difusión a distintos sectores no académicos de nuestra comunidad. Contamos con el apoyo de estudiantes de la UM, siendo su rol esencial en la búsqueda y divulgación de la información al público de interés. Con estos proyectos pretendemos actualizar y formar desde edad temprana sobre temas de alta relevancia en nuestros días. De esta manera, estaremos abarcando diferentes ámbitos sociales con la finalidad de enriquecer y generar conocimiento sobre temas que impactan en futuras generaciones.

GEDU 4**GENÉTICA EN LA ESCUELA: TALLERES DE ARTICULACIÓN DOCENTE ENTRE EL NIVEL MEDIO Y LA FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS Y FORESTALES DE LA UNLP**

Tacaliti M.S., A. Moreno Kiernan, É. Tocho. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, CISaV, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mstacaliti@gmail.com

Docentes de la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales de la UNLP visitamos tres escuelas secundarias ubicadas en los alrededores de La Plata, regiones donde la horticultura y la ganadería son las actividades productivas preponderantes. Los talleres proponían debatir temas de Genética que se abordan en escuelas medias con orientación en Ciencias Naturales, en las asignaturas "Biología" y "Biología, Genética y sociedad". El objetivo consistió en discutir conceptos como el ADN, sus funciones, los genes, el genoma, la obtención y uso de los cultivos transgénicos, ejemplos y desafíos a futuro de las nuevas tecnologías de manipulación del material hereditario. A través de una breve exposición usando como soporte una presentación digital, se formularon preguntas disparadoras para estimular la participación de los jóvenes. Mediante la observación de cajas entomológicas, se abordó el concepto de resistencia genética de los insectos, actividad que resultó interesante dado que la mayoría de los jóvenes de las localidades visitadas conocían acerca de la aparición de la resistencia debido al manejo inadecuado de las plagas en los ambientes agropecuarios. En un ámbito distendido, se dio lugar a relatos de vivencias que enriquecieron el intercambio. Además, se presentó un cuadernillo de divulgación que invitaba a profundizar los conceptos trabajados. Mediante estos talleres, se logró acercar la enseñanza universitaria a la comunidad educativa media, aportar un criterio científico que enmarca los temas de Genética tratados en el aula y abrir el debate hacia nuevos avances tecnológicos.

GEDU 5

LAS LEYES DE MENDEL: VARIANTE METODOLÓGICA PARA SU ENSEÑANZA-APRENDIZAJE

Castillo E., M.F. Grossi Vanacore, H. di Santo, L. Aguirre, A. Ferreira, C. González, M. González Levita, A. Lanzetti, E. Grassi. Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: ecastillo@ayv.unrc.edu.ar

Las leyes mendelianas de la Herencia son fundamentales para la comprensión integral de la asignatura Genética en Agronomía, FAV-UNRC. El objetivo fue analizar una estrategia de apoyo y acompañamiento en la comprensión de las leyes. Durante 2022 las clases fueron presenciales y se organizaron en tres comisiones de teórico-prácticos de 30 estudiantes cada una. La estrategia de enseñanza-aprendizaje consistió en: material de apoyo a la lectura y análisis de la publicación de Mendel, una página web con material suplementario de lectura, un seminario presencial que reunió a toda la cohorte 2022 y una actividad integradora escrita individual. Para analizar el impacto de la metodología se utilizaron las notas las actividades escritas (79) y de las evaluaciones parciales (84) como variable respuesta. El valor medio de las notas de la actividad escrita fue 4,67 (RV: 2-10) y el de las evaluaciones parciales fue 5,83 (RV: 1,7-9,7). Los resultados de la actividad escrita vinculada con la metodología de enseñanza-aprendizaje no reflejan una buena integración de los contenidos. Por otro lado, el 85% de los estudiantes asistieron al seminario, demostrando un alto interés por la actividad propuesta. Los mismos obtuvieron mejor nota en el parcial (Presentes: 5,96; Ausentes: 5,69), por lo que se concluye que la estrategia para el estudio de las leyes de la herencia resultó positiva.

GMA

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

ANIMAL GENETICS AND BREEDING

GMA 1

ESTUDIO DE POLIMORFISMOS Y ANÁLISIS POBLACIONAL EN GENES IMPLICADOS EN ATRIBUTOS DE CALIDAD DE CARNE EN CERDOS HÍBRIDOS DEL NORESTE ENTRERRIANO

Rodríguez V.R., M.E. Barrantdeguy, M.V. García, M. Lagadari.
Facultad de Ciencias de la Alimentación, UNER, Entre Ríos,
Argentina. E-mail: viviana.rodriguez@uner.edu.ar

La producción y el consumo de carne de cerdo presenta crecimiento a nivel mundial. Debido a la exigencia de los mercados, este trabajo busca implementar la biología molecular como herramienta de selección en cerdos híbridos para una mejora en la calidad de carne. Se realizó una búsqueda de relaciones entre marcadores genéticos y atributos en RYR11843C>T, RN200R>Q/199I>V, CAST638S>A, CAST76872G>A, SOX6A42812066G>A y SOX6B43023574G>C, para orientar en programas de cruzamiento. En 122 parentales del noreste de Entre Ríos se realizó PCR-RFLP y se calculó la diversidad genética y estructura poblacional. Además de PCR-RFLP, sobre 73 muestras de carne (*Longissimus thoracis*) se evaluó pH, color con Minolta CM-700 y CIELAB, marmoleado por comparación de patrones, resistencia al corte con Stable Micro Systems TAXT2i y celda Warner-Bratzler, humedad por desecación 4 h a 125° C, capacidad de retención de agua (CRA) mediante mermas por descongelación, goteo y cocción. Los SNPs y su relación con los parámetros analizados presentaron diferencias significativas ($p < 0,05$) permitiendo inferir el mercado destino para estas carnes. Portadores de alelos rn^* para RN (199I–200R), C para CAST638S>A, A para SOX6A42812066G>A y C para SOX6B43023574G>C presentarían genotipos beneficiosos evidenciando mayor marmoleado, pH, CRA y color óptimo. Se observó elevada variabilidad y riqueza alélica ($H_E = 0,455$, $H_o = 0,56$, $R_A = 2,17$, $N_A = 2,17$, $FIS = -0,24$) indicando que estos polimorfismos aún no han estado sujetos a selección y pueden utilizarse para obtener genotipos superiores mediante selección asistida por marcadores.

GMA 2

ESTIMACIÓN DE LA INFLUENCIA GENÉTICA EN MEDIDAS HIPOMÉTRICAS DEL CABALLO PERUANO DE PASO

Karlau A., A. Molina, A.G. Antonini, P. Trigo, S. Demyda Peyrás.
Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de
La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: akarlau@fcv.unlp.
edu.ar

El Caballo Peruano de Paso se destaca debido a su andar, resistencia para realizar labores de campo y belleza exterior. Los ejemplares deben cumplir con características morfológicas para combinar funcionalidad con belleza. Si bien la Asociación Nacional de Criadores y Propietarios del Caballo Peruano de Paso (ANCPCPP) controla la morfología de los animales, no existe hasta la fecha una evaluación genética de dichos caracteres. El objetivo del presente trabajo fue modelar y estimar la influencia genética en medidas hipométricas de interés en la raza Caballo Peruano de Paso. Se analizaron fenotipos de seis caracteres: Altura a la cruz (AC), Altura a la grupa (AG); Ancho de pecho (AP), Perímetro torácico (PT) y Largo del cuerpo (LC) de 1.525 ejemplares recolectados por la ANCPCPP entre 1998 y 2019. Se estimaron los valores de cría de cada carácter para cada individuo y su heredabilidad mediante un modelo animal univariado basado en REML (metodologías de máxima verosimilitud), que incluyó tamaño del haras, pelaje, sexo y edad como efectos fijos y los efectos residuales, rebaño-año y animal como aleatorios, utilizando información de pedigrí disponible y el software AIREMLF90 (BLUPF90). Los valores genéticos variaron desde $-6,53 \pm 0,95$ a $6,59 \pm 3,05$ cm AC, $-6,24 \pm 0,94$ a $5,6 \pm 3$ cm AG, $-1,02 \pm 0,65$ a $1,8 \pm 1,11$ cm AP, $-4,45 \pm 1,33$ a $5,93 \pm 2,95$ cm LC y $-12,15 \pm 1,65$ a $7,65 \pm 3,97$ cm PT. Los valores de h^2 fueron $0,63 \pm 0,04$ AC, $0,62 \pm 0,04$ AG, $0,08 \pm 0,03$ AP, $0,22 \pm 0,05$ LC y $0,27 \pm 0,05$ PT. Este estudio es la primera modelización genética en base a medidas hipométricas del Caballo Peruano de Paso y demuestra la existencia de variabilidad sobre la cual establecer un programa de mejora para la raza.

GMA 3

CUANTIFICACIÓN DEL GRADO DE QUIMERISMO HEMATOPOYÉTICO DEL PAR SEXUAL EN CABALLOS MEDIANTE GENOTIPADO MASIVO TIPO SNP-ARRAY

Pirosanto Y.^{1,2}, E. Teran^{1,2}, S. Demyda Peyras^{2,3}. IGEVET (UNLP-CONICET La Plata), Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, La Plata, Argentina; ²Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina; ³CONICET, CCT La Plata, La Plata, Argentina. E-mail: pirosanto.yamila@igevet.gob.ar

La presencia de anomalías cromosómicas del par sexual es frecuente en caballos. Dentro de ellas, el quimerismo hematopoyético es una de las más difíciles de detectar ya que los individuos afectados presentan un fenotipo normal en la adultez. En el presente trabajo empleamos una técnica de Análisis de Distribución por Ajuste de Probabilidades Integradas (DANFIP), para detectar y cuantificar el quimerismo hematopoyético del par sexual en caballos. Para ello se seleccionaron siete individuos Pura Raza Español (dos hermanos mellizos posibles quimeras y cinco normales) mediante el SNP-array GGP™ equine (Illumina) de mediana densidad (~70000 SNPs). El análisis bioinformático incluyó la determinación de los valores de BAF (*b allele frequency*) de cada uno de los marcadores e individuos, los cuales fueron analizados mediante el paquete DANFIP. Solo se tuvieron en cuenta valores de BAF que oscilaron entre 0,2 y 0,8, evitando el análisis de marcadores homocigotos. Los resultados del uso de DANFIP demostraron que el nivel de quimerismo en la hembra fue del 36%, mientras que en el macho de 51%. Estos valores concuerdan con lo obtenido en ambos animales mediante cariotipado clásico. Como conclusión, el método DANFIP permite determinar el porcentaje de quimerismo existente en un individuo en base a un simple análisis de ADN. El uso de esta herramienta genómica es una alternativa adicional para detectar la presencia de quimerismo en equinos.

GMA 4

¿QUÉ SE SABE SOBRE LA RESISTENCIA NATURAL DE LOS BOVINOS A *Neospora caninum* Dubey, Carpenter, Speer, Topper & Uggl, 1988?

Dinon M.A., P. Corva. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: anabella005@yahoo.com.ar

Neospora caninum, un parásito del phylum Apicomplexa, es la principal causa de abortos en bovinos, generando graves pérdidas económicas. Aún no existen vacunas efectivas y el control se basa principalmente en prácticas de manejo, por lo que la resistencia genética del hospedante podría ser un factor de control. El objetivo fue hacer una búsqueda sistemática de información sobre variabilidad intra- e inter-racial mediante minería de textos en Pubmed combinando los paquetes bibliometrix y pubmed.mineR del software R. Se realizaron búsquedas combinando palabras clave y luego se refinó manualmente la lista final. Entre 1.415 artículos referidos a neosporosis en bovinos, se identificaron 47 artículos de interés de 219 autores en 19 países, entre 2002-2022. España es el país con mayor número (10), seguida por 18 países con uno a cuatro artículos. Sólo tres artículos consideran la variabilidad intra-racial (heredabilidad, GWAS, genes candidatos) mientras que los relacionados a variabilidad inter-racial comparan mayoritariamente serología de razas puras o cruza. El desempeño relativo entre razas no es concluyente. Se evidencia una mayor susceptibilidad de razas lecheras respecto de las carniceras. El experimento más frecuente fue sobre el uso de razas carniceras (destacándose Limousin y otras razas continentales) sobre hembras Holstein, para reducir la tasa de abortos. Este análisis permite resumir el conocimiento actual de la variabilidad genética en respuesta a la neosporosis, a la vez que contribuye a identificar áreas de vacancia y alternativas de investigación más promisorias.

GMA 5

DETECCIÓN DE LA MUTACIÓN c.55delG DEL GEN *CHRNA1* CAUSAL DE ARTROGRIPOSIS MÚLTIPLE CONGÉNITA EN BOVINOS MEDIANTE PCR-SECUENCIACIÓN DIRECTA

Crespi J.A., M.E. Zappa, E.E. Villegas Castagnasso, P. Peral García, M.E. Fernández, G. Giovambattista. IGEVET (FCV-UNLP-CONICET), Buenos Aires, Argentina. E-mail: jacrespi@gmail.com

La Artrogriposis Múltiple Congénita (AMC) es una condición genética con herencia autosómica letal recesiva que ha sido reportada en varias razas bovinas. En las razas nórdicas es causada por una deleción en el primer exón del gen *CHRNA1* (cholinergic receptor nicotinic beta 1 subunit; c.55delG). Esta mutación introduce un codón de *stop* prematuro (p.Ala19Profs47*) y por lo tanto una proteína truncada en un 96% no funcional. La deleción ha sido detectada en animales descendientes de un único reproductor. El objetivo del presente trabajo consistió en genotipificar la deleción c.55delG causante de la AMC en bovinos, con el fin de determinar si esta mutación ha sido introducida en una población local por el uso de un reproductor perteneciente a una línea genética portadora de esta condición genética. El ADN de 14 bovinos de la raza Sueca Roja fue extraído a partir de muestras de sangre. Un fragmento de 247 pb del primer exón del gen *CHRNA1* que incluye la mutación causal fue amplificado por PCR, y secuenciado en un secuenciador capilar. Los resultados obtenidos permitieron detectar seis animales portadores. El análisis de pedigrí confirmó la segregación de la mutación en la población analizada. El presente estudio provee otro ejemplo de cómo el uso mediante inseminación artificial de un toro de élite puede diseminar rápidamente una condición genética que causa importantes pérdidas económicas en la población. Por otra parte, el diagnóstico genético permitió la identificación de los animales portadores y la programación de los cruzamientos con el fin de erradicar la mutación causal.

GMA 6

FACTORES GENÉTICOS Y AMBIENTALES RELACIONADOS CON EL RENDIMIENTO DE OVOCITOS ASPIRADOS EN HEMBRAS BRANGUS

Legaz G.¹, N.M. Bello², P.M. Corva³. ¹Sociedad Rural Argentina, CABA, Argentina; ²Department of Animal Sciences, The Ohio State University, Columbus, Ohio Statistics, Kansas State University, Manhattan, Kansas, USA; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Provincia Buenos Aires, Argentina. E-mail: glegaz@sra.org.ar.

Se evaluó la producción de ovocitos a través de OPU (*Ovum Pick Up*) en hembras Brangus de dos cabañas de Formosa (Argentina) como indicador indirecto de aptitud reproductiva y factores de riesgo relacionados. Los datos consistieron en 1.154 registros de 239 donantes en 64 sesiones de OPU. Los análisis estadísticos se realizaron con un modelo lineal mixto generalizado asumiendo una distribución Poisson que incluyó efectos fijos de estación del año, tratamiento previo de super-ovulación/transferencia de embriones (MOET), visibilidad de la luna e interacciones de dos y tres vías, así como las covariables edad y proporción racial (Angus/Brahman, estimada con un panel de 17 STR, aplicando el programa Structure). El modelo también ajustó efectos aleatorios de hembra y sesión, y un parámetro de sobredispersión. La composición racial media estimada fue 1/3 Brahman - 2/3 Angus. El rendimiento por hembra-sesión fue elevado respecto a razas europeas (media = 28 ovocitos; rango: 2 - 155 ovocitos). La asociación entre rendimiento y composición racial no fue significativa ($p=0,32$). El rendimiento de OPU fue significativamente mayor en otoño y primavera para hembras sin MOET previa ($p=0,04$). La edad mostró asociación cuadrática con rendimiento, con disminución a partir de los 8-9 años. Para hembras previamente sometidas a MOET se detectó una asociación significativa ($p=0,015$) entre visibilidad de la luna y rendimiento. En conclusión, los resultados sugieren nuevos factores a tener en cuenta para optimizar la obtención de ovocitos y caracterizar rendimiento reproductivo en hembras Brangus de Argentina.

GMA 7**HETEROGENEIDAD DE LA VARIANZA RESIDUAL EN LA ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA PRODUCCIÓN DE LECHE EN HOLANDO ARGENTINO**

Vera M.¹, N. Rubio², A. Pardo³, E. Rodríguez², M.E. Tejedo², P. Corva³, D. Casanova^{2,4}. ¹EEA Rafaela - INTA, Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Veterinaria, UNICEN, Buenos Aires, Argentina; ³Unidad Integrada Balcarce, INTA/UNMDP, Buenos Aires, Argentina; ⁴Asociación de Criadores de Holando Argentino, Argentina. E-mail: vera.milba@inta.gob.ar

Los modelos de estimación de componentes de varianza asumen su homogeneidad. Sin embargo, las varianzas y la heredabilidad pueden variar, asociadas a los niveles de producción. El objetivo fue verificar la heterogeneidad de la varianza residual debida a grupos contemporáneos (GC: rodeo-año-estación de parto) en la estimación de componentes genéticos de producción de leche en Argentina. Se utilizaron 576.790 lactancias corregidas a 305 días de 364.663 vacas (control lechero oficial de la Asociación de Criadores de Holando Argentino, ACHA). Se estimaron medias y varianzas fenotípicas de producción (kg) de leche (L), grasa (G) y proteína (P) de cada GC. Utilizando análisis de agrupamiento jerárquico (PAM: *Partitioning Around Medoids*) sobre medias y varianzas de los GC, la mayoría de los métodos sugirieron que la reducción de las diferencias entre ellos se estabilizaría con 13 grupos. Se estimaron la varianza genética (A), de ambiente permanente (PE) y residual (R) de L, ajustando un modelo animal Bayesiano univariado (programa GIBBS3F90). El modelo consideró rodeo (1.644 niveles), año (24 niveles), estación (2 niveles) lactancia y edad al parto (24 niveles) como efectos fijos y, como aleatorios, el animal (genealogía de 7.818 padres y 304.985 madres), ambiente permanente y el efecto residual. Las varianzas estimadas A y PE fueron 0,23E+06 y 0,20E+06 respectivamente; los valores de variación R se asociaron positivamente a las medias y desvíos estándares de L. La heterogeneidad de la varianza puede afectar la exactitud de la estimación de los valores de cría, favoreciendo la selección en GC con mayor varianza, por lo que conviene considerar la redefinición de los GC.

GMA 8**LOCI DE CARACTERES CUANTITATIVOS PARA RASGOS REPRODUCTIVOS EN BOVINOS LECHEROS LOCALES**

Raschia M.A.¹, D.O. Maizon², A.F. Amadio³, M.A. Poli¹. ¹Instituto de Genética, CICVyA, INTA, Buenos Aires, Argentina; ²EEA Anguil - INTA, La Pampa, Argentina; ³EEA Rafaela - INTA, Santa Fe, Argentina; CONICET, Argentina. E-mail: raschia.maria@inta.gob.ar

La intensa selección para producción lechera junto con una consideración insuficiente de parámetros de fertilidad y salud va en detrimento de estos últimos rasgos. Por ello, muchos países ampliaron los objetivos de sus programas de cría de ganado lechero, desde un enfoque meramente productivo hacia uno integral que considera además aspectos reproductivos y sanitarios. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue caracterizar rodeos lecheros locales en función de caracteres reproductivos e identificar las regiones genómicas que influyen sobre los mismos. A partir de registros de servicios y partos de 24.195 vacas Holando y Holando x Jersey, se calcularon: edad al primer parto, edad a la primera concepción, intervalo entre partos, intervalo parto-primer servicio, intervalo parto-concepción e intervalo primer servicio-concepción. Mediante el programa BLUPf90 se realizó la estimación de componentes de varianza, heredabilidades y un análisis de asociación de genoma completo con modelos lineales mixtos y de repetibilidad, según el carácter, y genotipos de 999 animales, obtenidos con el chip BovineSNP50 v2 de Illumina. Se obtuvieron heredabilidades de entre 2,1 y 7,7%, en concordancia con valores de literatura, y 92 ventanas de SNPs explicaron más de 10 veces la varianza genética aditiva esperada, por lo que se consideran regiones relevantes para los rasgos estudiados. Estas regiones justifican su estudio en mayor profundidad, en el intento de dilucidar su influencia en la determinación de rasgos reproductivos de bovinos lecheros de Argentina.

GMA 9

DESEQUILIBRIO DE LIGAMIENTO EN LA RAZA BRANGUS ARGENTINA

Pardo A.M.^{1,2}, N.S. Forneris^{3,4}, D.O. Maizon⁵, S. Munilla^{3,4}. I.E.E.A. Balcarce – INTA, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; ³Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ⁴INPA, CONICET – Facultad de Ciencias Veterinarias, UBA, Buenos Aires, Argentina; ⁵INTA E.E.A. Anguil – INTA, La Pampa, Argentina. E-mail: pardo.alan@inta.gob.ar

El desequilibrio de ligamiento (LD), definido como la asociación no aleatoria de alelos entre loci, es un parámetro crucial para estudios de estructura poblacional, mapeo de QTL e implementación de estudios de asociación de genoma completo y selección genómica. Se caracterizó la magnitud del LD entre marcadores (SNP) en 2.841 animales (1.058 toros y 1.783 vacas) de la población argentina de la raza Brangus utilizando el cuadrado de la correlación entre alelos en pares de loci (r^2) como estimador. Un total de 41.290 SNP fueron obtenidos después de fusionar los diferentes paneles existentes en la base de datos y filtrar por *call rate* (<95%) y alelos monomórficos. Se obtuvieron los haplotipos en fase separadamente para cada uno de los 29 autosomas y se computaron los r^2 para todos los pares de SNP posibles, utilizando los *softwares* SHAPEIT y R, respectivamente. Las distancias medias entre marcadores en cada cromosoma oscilaron entre 14,18 y 54,03 Mb. El LD promedio \pm SD a través de todos los autosomas para el intervalo de hasta 1 Mb y total fueron $0,09 \pm 0,14$ y $0,01 \pm 0,03$, respectivamente. Los valores más altos de LD se observaron para los pares de SNP ubicados a distancias menores de 0,1 Mb con r^2 promedios de $0,21 \pm 0,25$ ($n = 78.177$ pares de marcadores, de los cuales el 25% tuvieron $r^2 \geq 0,30$). Los valores de r^2 del presente estudio fueron similares a aquellos reportados para la misma raza en la literatura internacional. Este es el primer análisis detallado de LD para Brangus en Argentina y será de utilidad tanto para el programa de selección genómica como para la caracterización de su estructura poblacional.

GMA 10

ANÁLISIS DE TRANSCRIPTOMA DE PIEL EN BOVINOS BRANGUS EN RESPUESTA AL ESTRÉS

Álvarez P.A., M. Bonamy, M. Balbi, L.H. Olivera, A. Rogberg Muñoz, G. Giovambattista, M.E. Fernández. IGEVET (FCV-UNLP-CONICET), Buenos Aires, Argentina. E-mail: pecunarg@gmail.com

El estrés térmico es un factor importante en la producción ganadera, ya que afecta la salud, la productividad y la *performance* reproductiva de los animales. Esto constituye una problemática especial en los ambientes subtropicales, donde por ese mismo motivo se crían bovinos de razas cebuinas y compuestas. Entre la variedad de respuestas de los bovinos a las condiciones de estrés térmico, la piel cumple un rol central, siendo la primera barrera en dar respuesta a las altas temperaturas. El objetivo de este trabajo fue analizar el efecto del estrés térmico en los perfiles de expresión génica de la piel de bovinos Brangus criados en el noreste argentino. Se midió la temperatura rectal de 108 animales durante el verano y, utilizando este carácter como criterio de muestreo, se seleccionaron 12 animales de los extremos de la distribución, que conformaron los grupos estresados ($n=6$) y no estresados ($n=6$). De cada animal se tomó una biopsia de piel de la región dorsal. Las muestras se conservaron en RNAlater y posteriormente se secuenciaron mediante RNAseq. Los resultados obtenidos del análisis de transcriptómica mostraron que 4.495 genes se diferenciaron significativamente (p ajustado < 0,01) entre los grupos. El análisis de rutas metabólicas mediante la base de datos KEGG reveló un término significativo denominado *thermogenesis* ($p = 1,4E-20$), en tanto que el análisis de ontología génica mostró diversos procesos biológicos, componentes celulares y funciones moleculares que junto a un análisis funcional de genes individuales podrían contribuir a comprender los mecanismos de respuesta del tejido al calor.

GMA 11

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS F_{IT} , F_{ST} Y F_{IS} EN CUATRO POBLACIONES CAPRINAS DE LA ZONA DE INFLUENCIA DE LA UNLP MEDIANTE EL USO DE MICROSATÉLITES

Cattaneo A.C.^{1,2}, P. Peral García², A.G. Antonini^{1,2}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Mejoramiento Animal, Facultad de Cs Veterinarias, UNLP, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando Noel Dulout", IGEVET, CONICET-FCV-UNLP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: cattaneo.ac@gmail.com

Sewall Wright propuso tres parámetros para medir desviaciones de frecuencias genotípicas en poblaciones. El F_{IT} mide la desviación de las Heterocigosidades Observadas (HO) en la población total con respecto a las Esperadas (HE) en el equilibrio de Hardy Weinberg (HW). El F_{IS} es la desviación de las HO en las subpoblaciones respecto a las HE para HW. El F_{ST} indica el grado de diferenciación genética entre subpoblaciones. En la estimación de F_{IS} y F_{IT} , los valores positivos indican una deficiencia de heterocigotos y los negativos un exceso. El objetivo del estudio fue determinar estos parámetros en cuatro poblaciones caprinas. Se extrajo sangre de 140 cabras, de cuatro establecimientos (Arana, Lobos, La Plata y Uribelarrea). Se obtuvo ADN y se determinaron las variantes alélicas de 14 microsatélites recomendados por la ISAG (*International Society of Animal Genetics*) para la filiación en cabra. Los coeficientes se calcularon con el Programa Genepop. La media de F_{IS} fue de 0,063, presentando valor negativo en un marcador. Nueve de los marcadores presentaron un valor de F_{IS} mayor a 0,05. El F_{ST} indicó que el 95% de la variabilidad genética en las subpoblaciones estudiadas se debía a diferencias entre los individuos dentro de la subpoblación y el 5% a diferencias entre subpoblaciones ($p < 0,05$). Los valores de F_{ST} indicaron que la variación genética se mantuvo en las subpoblaciones. Los resultados obtenidos para F_{IS} y F_{IT} indicaron que existe consanguinidad. Este fenómeno se explica por la forma de producción caprina, con pocos machos respecto de las hembras y reposición propia o de la zona, favoreciendo así, el apareamiento entre parientes.

GGM

**GENÓMICA
Y GENÉTICA
MOLECULAR**

**GENOMICS
AND MOLECULAR
GENETICS**

GGM 1**TROMBOFILIA HEREDITARIA:
MUTACIONES Y FRECUENCIA
POBLACIONAL EN PARAGUAY**

Bogado Villalba L., R. López, I.B. Otazu, R. Henning, X. Ortiz.
Laboratorio Díaz Gill, Laboratorio de Genética Clínica,
Departamento de Genética Molecular, Asunción, Paraguay.
E-mail: lizbog09@gmail.com

La trombofilia hereditaria es una condición clínica que genéticamente predispone al desarrollo de trombosis, lo cual es un problema de salud pública de gran trascendencia; en este contexto, nos hemos propuesto como objetivo determinar la frecuencia y el grado de homocigosis de las mutaciones asociadas a la trombofilia hereditaria. Se realizó un estudio retrospectivo de corte transversal con los registros de los pacientes que acudieron al laboratorio Díaz Gill en los últimos cinco años para determinar las mutaciones en el factor V Leiden G1691A, factor II G20210A, MTHFR C677T y A1298C, al igual que en PAI-1-675 4G. El análisis de estas mutaciones fue solicitado con mayor frecuencia en pacientes con antecedentes de abortos a repetición (36,6%), seguido de aquellos con trombosis (22,9%), gestantes (16,6%) y con accidente cerebrovascular (8,9%). Se observó mayor predominancia de las mutaciones MTHFR C677T y PAI-1-675 4G en igual proporción (36%). Las pacientes con antecedentes de abortos a repetición presentaron un mayor grado de homocigosis, principalmente en MTHFR C677T (14%); sin embargo, en los pacientes con sospecha de trombosis y en las gestantes el mayor grado de homocigosis en PAI-1 675 5G/4G fue, respectivamente, 9,3% y 10,5%. Se obtuvo un mayor porcentaje de mutaciones en los genes de FVL G1691A y FII G20210A en un 7% y 8,1% respectivamente en pacientes con diagnóstico de sospecha de trombosis. El conocimiento de las principales mutaciones asociadas a la trombofilia hereditaria observadas podría ser de utilidad para tomar medidas en la concienciación y realización de estos estudios en la población susceptible a padecer trombosis para un diagnóstico precoz y oportuno.

GGM 2**ANÁLISIS BIOMÉDICO DE VARIANTES
GENÉTICAS VUS EN GENES MMR (GENES
DE REPARACIÓN DEL ADN)**

Brizuela Sánchez M.B., M.D. Gamarra. Instituto de Genética Humana de Misiones (IGeHM), Hospital Dr. Madariaga (Servicio de Genética), Misiones, Argentina. E-mail: belenbrizuelasanchez@gmail.com

Los genes de reparación MMR (del inglés *MisMatch Repair*), como *msh2*, *msh3*, *msh6* y *pole*, son fundamentales en la reparación de errores producidos en la replicación del ADN. Su pérdida de función incrementa la tasa de mutaciones de genes reguladores conduciendo a una supervivencia de la célula dañada que da como resultado la carcinogénesis, así como la resistencia de estas células a la quimioterapia. Presentamos aquí un reporte de casos de pacientes con cáncer a los cuales se les realizó un estudio genómico de panel de genes de cáncer por NGS a partir de sangre periférica con EDTA. Se detectaron variantes *missenses* (cambio de aminoácido) en diferentes genes MMR que fueron clasificadas como *VUS* (variante de significado incierto) ya que no se ha podido confirmar su impacto en el desarrollo de la enfermedad. Se realizó un análisis utilizando herramientas bioinformáticas, bases de datos y textos científicos, se analizaron las estructuras de las proteínas MMR tratándose de predecir el impacto de estas *VUS* en su función. Las *VUS* fueron halladas en regiones críticas para la función de cada proteína; el cambio de aminoácido podría producir desestabilización de estructuras secundarias por cambio de polaridad afectando sitios de interacción proteína-proteína dando lugar a patologías. Este análisis contribuyó al asesoramiento genético de los pacientes y sus familias, y a adecuar la vigilancia de posibles tumores relacionados con dichas mutaciones. Se sugiere que las variantes identificadas sean objeto de investigación con el propósito de dilucidar su relevancia y poder recategorizarlas.

GGM 3**HAPLOTIPOS DEL GEN *PIK3CA* ASOCIADOS AL CÁNCER DE MAMA ESPORÁDICO EN LA PROVINCIA DE MISIONES**

Acosta K.B.^{1,2}, M.S. Esnarriaga¹, D.A. Rivero^{1,2}, J.L. Tomsich¹, M.B. Mascheroni³, P.D. Zapata^{1,2}. ¹Laboratorio de Biotecnología Molecular, Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (InBioMis), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ²CONICET, Buenos Aires, Argentina; ³PREDIGMA Centro de Medicina Preventiva, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: acostakb@fceqyn.unam.edu.ar

Los exones 9 y 20 del gen *PIK3CA* presentan mutaciones que resultan en formas oncogénicas de p110 α con actividad quinasa elevada que promueve la proliferación e invasión de las células cancerígenas. El objetivo del trabajo fue determinar los haplotipos formados por las mutaciones *hotspots* g.74772G>A, g.74781G>A (exón 9) y g.90775A>G/T (exón 20) del gen *PIK3CA* en relación al riesgo de desarrollar cáncer de mama esporádico. Se genotipificaron un total de 85 casos y 125 controles mediante la técnica de RFLP-PCR para las variantes g.74772G>A y g.74781G>A y por secuenciación directa para la variante g.90775A>G/T. El análisis de haplotipos se realizó mediante el programa SNPStats. Las diferencias en frecuencias genotípicas, alélicas y de haplotipos entre los grupos analizados fueron estimadas con la prueba de χ^2 . La asociación con el riesgo de cáncer de mama se representó mediante el *Odds ratio* (OR) e intervalos de confianza de 95%. Un valor de $p < 0,05$ fue considerado estadísticamente significativo. Los resultados mostraron que el haplotipo más frecuente para las tres variantes (GGA) de *PIK3CA* representó casi el 90% de los casos y controles. El haplotipo (GGK) con las variantes G o T en la posición g.90775A del gen *PIK3CA*, mostró una asociación significativa con el riesgo de desarrollar cáncer de mama esporádico [OR=18,98 IC95% 2,29-157,39; $p=0,0069$], sugiriendo que la mutación que provoca la sustitución de histidina por arginina o leucina en la posición 1.047 de la secuencia aminoacídica tendría un impacto considerable en el fenotipo carcinogénico.

GGM 4**EXPRESIÓN DE LOS GENES *PI3K* Y *PTEN* EN PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2 Y CÁNCER**

Tomsich J.L., D.A. Rivero, P. Benegas, M. Formichela, B. Mascheroni, E. Méndez, P.D. Zapata, C. Ferri. FCEQYN, UNaM, InBioMis, BioTecMol, Misiones, Argentina. E-mail: jacquelinetomsich.jt@gmail.com

La diabetes mellitus tipo 2, se asocia con un mayor riesgo a desarrollar algunos tipos de cáncer; si bien las razones no están aún esclarecidas, podría deberse al estado hiperglucémico, a la hiperinsulinemia, la resistencia a la insulina, entre otros factores de riesgo. El objetivo fue establecer el nivel de expresión de *PTEN* y *PI3K* en pacientes con diabetes y pacientes con diabetes y cáncer. La expresión génica se determinó mediante la cuantificación relativa de los transcritos de *PTEN* y *PI3K* por medio de PCR en tiempo real, a partir de ARN de sangre periférica extraído con EDTA. Los participantes del estudio fueron clasificados en tres grupos; individuos controles (IC), pacientes con diabetes (DBT) y pacientes con diabetes y cáncer (DBC). Los valores fueron analizados con el programa GraphPad. El análisis estadístico ANOVA, demostró que no existe diferencia significativa para la expresión de *PI3K* entre los grupos analizados ($p=0,7019$), mientras que la expresión de *PTEN*, presentó diferencia significativa ($p < 0,0001$). La diferencia estadística significativa se observó en el grupo de DBT respecto a los IC ($p < 0,0001$) y DBC ($p < 0,0001$). No se observó diferencia estadística significativa entre los grupos IC y DBC ($p=0,9709$). En el grupo de DBT el 47% de los casos analizados presentó una sobreexpresión de *PTEN*. Poder determinar el nivel de expresión de dos de los principales actores en la vía de señalización de la insulina, como los son *PI3K* y *PTEN*, podría contribuir a establecer las bases moleculares por las cuales la diabetes presenta un mayor riesgo al desarrollo de cáncer.

GGM 5

CARACTERIZACIÓN FILOGENÉTICA DEL VIRUS SARS-COV-2 EN EL NORESTE ARGENTINO

Vera Candia G.A.¹, I. Badano^{1,2}, M.J. Pereson^{2,3}, F.A. Di Lello^{2,3}.

¹Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina; ³Instituto de Investigaciones en Bacteriología y Virología Molecular (IBaViM), Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina. Email: fadilello@gmail.com

La epidemiología molecular de SARS-CoV-2 en el noreste argentino (NEA) es escasa. El objetivo del trabajo fue la caracterización filogenética de SARS-CoV-2 en el NEA, para describir la circulación de linajes y su probable origen geográfico. Se utilizaron 149 genomas completos disponibles en GISAID para el NEA al 14/8/2021 y depositados por el Consorcio PAIS. Para cada uno de ellos se incluyeron secuencias con el mejor score de alineamiento por BLAST, seleccionadas de provincias y países limítrofes y con co-circulación temporal (n=2007). Los alineamientos se realizaron en MAFFT v.7 y los modelos evolutivos se seleccionaron con ModelFinder de acuerdo con criterio de Información Bayesiano. Los árboles se construyeron por Máxima verosimilitud en IQ-TREE v1.6.12 (Ultrafast bootstrap 10.000 réplicas). Se identificaron cinco variantes y 15 linajes: Épsilon (B.1.427), Zeta (P.7), Alpha (B.1.1.7), Lambda (C.37), Gamma (P.1, P.1.2), B.1, B.1.247, B.1.499, B.1.1.28, B.1.1.33, B.1.1.348, B.1.1.519, N.5, P.2. Los linajes B.1 y B.1.499 predominaron durante la primera ola de contagios, mientras que, P.1 y N.5 lo hicieron durante la segunda ola. Respecto al origen y dispersión, se identificaron tres patrones principales: 1) local: B.1 en Chaco; 2) regional: N.5 para la Argentina; 3) internacional: P.1 en Misiones y Formosa, donde se identificó un marcado componente de muestras de Brasil y Paraguay que podrían ser atribuidos a los pasos internacionales de estas provincias. Los patrones descriptos presentaron correlación con los datos epidemiológicos disponibles.

GGM 6

LA CARGA NEOANTIGÉNICA TUMORAL DEFINIDA POR AFINIDAD AL COMPLEJO MAYOR DE HISTOCOMPATIBILIDAD I NO ES UN MEJOR BIOMARCADOR EN INMUNOTERAPIA

Nibeyro G.¹, V. Baronetto¹, L. Prato², H. Lujan^{1,3}, G. Morón^{4,5}, E.A. Fernández^{1,6,7}. ¹Centro de Investigación y Desarrollo en Inmunología y Enfermedades Infecciosas, CONICET, Universidad Católica de Córdoba, Córdoba, Argentina; ²Instituto Académico Pedagógico de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Nacional de Villa María, Villa María, Córdoba, Argentina; ³Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Católica de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁴Departamento de Bioquímica Clínica, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁵Centro de Investigaciones en Bioquímica Clínica e Inmunología, CONICET, Córdoba, Argentina; ⁶Facultad de Ingeniería, Universidad Católica de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁷Facultad de Ingeniería, FCEyN Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. E-mail: gnibeyro@cidie.ucc.edu.ar

La inmunoterapia (ICB) revolucionó el tratamiento del cáncer, y los antígenos tumor-específicos resultan críticos al ser reconocidos por linfocitos T (LT). Bajo el supuesto de que una mayor carga mutacional del tumor o TMB, genera más cantidad de neoantígenos inmunogénicos, es que el TMB se ha definido como biomarcador de respuesta a ICB. Las técnicas de secuenciación masiva permiten escanear el genoma en busca de dichas mutaciones. Para ser identificado por LT un neopéptido debe ser presentado en la superficie celular, por ello se han utilizado predictores de afinidad de unión neopéptido-complejo mayor de histocompatibilidad I (CMH-I) para definir la carga neoantigénica tumoral (TNB) como un potencial mejor biomarcador. Creando una nueva base de datos de neoantígenos con inmunogenicidad validada experimentalmente, se evaluó la capacidad de dichos predictores en la identificación de neoantígenos inmunogénicos. Los resultados muestran que estos predictores no permiten identificar inmunogenicidad y que el TNB no es un biomarcador superador del TMB; además, al aplicarlos sobre los péptidos salvajes (WT) que originan los neoantígenos, también se asociaron a respuesta a ICB. Esto sugiere que los WT pueden ser presentados por el CMH-I y acarrear un potencial inmunogénico que se dispara con una mutación en su secuencia de aminoácidos. Avanzar en una predicción precisa de neoantígenos inmunogénicos resulta de gran interés no solo para la construcción de mejores biomarcadores sino para el desarrollo costo-efectivo de nuevas terapias paciente específicas.

GGM 7**DETECCIÓN DE LA ESPECIE DE ORIGEN EN PRODUCTOS CÁRNICOS Y HEPARINA MEDIANTE PCR ESPECIE ESPECÍFICO PARA EL GEN *CYTB***

Posik D.M., M.C. Bruno, N.S. Castillo, P.M. Gómez, P. Peral García, G. Giovambattista. IGEVET (FCV-UNLP-CONICET), Buenos Aires, Argentina. E-mail: diego.posik@gmail.com

La identificación de las especies de origen de muestras biológicas, tales como alimentos y productos farmacéuticos, es requerida por legislaciones nacionales e internacionales debido a cuestiones sanitarias, religiosas y económicas. El objetivo de presente trabajo consistió en detectar la especie de origen en productos cárnicos y heparina. El ADN total se purificó a partir de 29 muestras de carne, 74 hamburguesas y 230 heparinas mediante extracción orgánica y kits comerciales según el tipo de muestra. El ADN obtenido fue analizado mediante PCR utilizando *primers* especie-específicos del gen *CYTB* para bovinos, ovinos, caprinos, porcinos, búfalos y pollo. La especificidad y sensibilidad del método se evaluó con ADNs de origen conocido. Los resultados obtenidos permitieron confirmar la especificidad de los *primers* utilizados y estimar una sensibilidad de al menos 10 pg de ADN de la especie problema. El análisis de las muestras comerciales posibilitó la identificación de ADN de especies no declaradas en el etiquetado en el 12,9% de los casos. En conclusión, la metodología utilizada resultó ser de utilidad para la detección de contaminaciones o adulteraciones en la certificación de origen de este tipo de productos.

GGM 8**ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE LLAMAS DEL NOA**

Anello M.¹, M. Muzzio^{1,2}, M.S. Daverio^{1,3}, M.B. Silbestro¹, L. Vidal Rioja¹, S.R. Romero⁴, F. Rigalt⁵, F. Di Rocco¹. ¹Laboratorio de Genética Molecular, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CONICET-UNLP-CIC, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ³Cátedra de Biología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ⁴Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar, Región NOA (IPAF-NOA)-INTA, Maimará, Jujuy, Argentina; ⁵Estación Experimental Agropecuaria Catamarca-INTA, Sumalao, Valle Viejo, Catamarca, Argentina. E-mail: melianello@gmail.com

La llama (*Lama glama*) es una especie autóctona de importancia económica y sociocultural para las poblaciones puneñas del noroeste argentino (NOA). Las prácticas de manejo, debido a deficiencias estructurales de las familias ganaderas, resultan en muchos casos con altos niveles de endogamia y baja productividad. En consecuencia, en este trabajo estudiamos la diversidad genética y la estructura poblacional actual de llamas del NOA. Para ello se genotipificaron mediante la técnica de GBS 74 muestras de ADN de llamas de seis sitios diferentes de Jujuy y Catamarca. Las secuencias se analizaron siguiendo el flujo de trabajo TASSEL 5.0v2 y usando el genoma de *Camelus ferus* (BCGSAC_Cfer_1.0) como referencia. Para estudiar la diversidad y la estructura genética se empleó R y los *softwares* PLINK y ADMIXTURE. Luego de los filtrados de calidad, se obtuvieron 9455 SNPs, quedando 65 muestras y un promedio de 249 marcadores por cromosoma. La diversidad genética dentro de las poblaciones fue moderada, con valores de H_o (0,24-0,33) y H_e (0,24-0,30) comparables a los de otras especies domésticas. Los F_{is} promedio fueron positivos aunque bajos, excepto para la población de Laguna Blanca (Catamarca) donde alcanzó un valor de 0,11 evidenciando cierto grado de consanguinidad. Las poblaciones de ambas provincias se diferenciaron genéticamente entre sí y, a su vez, hubo diferenciación dentro de Jujuy pero no así en Catamarca. Concluimos que el panel de SNPs obtenido es útil para estudios de diversidad y poblacionales, aportando información aplicable a la conservación y manejo sustentable de la llama.

GGM 9**UTILIZACIÓN DE PCR PARA DETERMINAR LA PRESENCIA DE *Stenocarpella* spp., HONGO CAUSANTE DE DIPLODIOSIS EN EL GANADO**

Poo J.I., M. Gerpe, I. Erregerena, M.J. Orofino, F.N. Urtizbiria, F. Fiorani, F. Liss Zchonski, L. Pilati, P.R. Da-Silva. EEA INTA Balcarce, Buenos Aires. Argentina. E-mail: poo.juan@inta.gob.ar

La diplodiosis es una enfermedad del ganado bovino y ovino causada por *Stenocarpella* spp. El diagnóstico de la enfermedad se realiza analizando los síntomas en animales enfermos e identificando el hongo en los alimentos. El tiempo que demora el cultivo del hongo, dificulta tomar una decisión rápida en casos a campo. El objetivo de este trabajo fue utilizar técnicas moleculares para identificar la presencia de *S. maydis* y *S. macrospora* en rastrojo de maíz. En Argentina, se documentaron cinco brotes de diplodiosis entre 2008 y 2018. Para la detección por PCR se utilizaron *primers* específicos para *S. maydis* y *S. macrospora* reportados en la literatura. En la evaluación de los animales enfermos se identificaron síntomas de neuromicotoxicosis y una tasa de mortalidad del 33,33%. La identificación molecular de *S. macrospora* fue negativa en seis muestras y no concluyentes en una, lo que impide sacar conclusiones sobre su presencia en Argentina. *S. maydis* se identificó en cinco de las seis muestras de rastrojo de maíz consumidas por animales, lo que demuestra que este hongo es probablemente el responsable de los brotes de la enfermedad en Argentina. Para confirmar esto, el análisis morfológico identificó la presencia de *S. maydis* en todas las muestras de residuos de maíz. Se puede concluir que la prueba de PCR directa es una estrategia eficiente para identificar alimentos potencialmente contaminados por *S. maydis*, siendo una buena estrategia para prevenir la aparición de diplodiosis.

GGM 10**DESARROLLO DE PCR MULTIPLEX PARA DETERMINACIÓN GENÉTICA DEL SEXO EN TRUCHA ARCO IRIS (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, 1792)**

Aguila F.E., E.S. Gesto, P. De Carli. CIT Santa Cruz CONICET-UNPA-UTN, ICASUR-UARG-UNPA, Santa Cruz, Argentina. E-mail: faguila@uarg.unpa.edu.ar

En trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, 1792) se ha reportado un mayor rendimiento cárnico en lotes de producción constituidos sólo por hembras. Mediante tratamiento hormonal de reversión sexual es posible obtener neomachos a partir de los cuales producir lotes monosexo. Para desarrollar este sistema productivo resulta de interés disponer de protocolos para la identificación temprana del sexo, tanto para descarte de machos (XY) como certificación de lotes para su comercialización. En bibliografía se reportan protocolos de PCR para segmentos de cromosoma Y, en los cuales la ausencia de amplicón puede deberse a que el individuo es hembra o a un error de PCR. Por ello, otros autores han desarrollado protocolos de PCR multiplex, pero los amplificadores no resultan de fácil identificación en un gel de agarosa al 1%. En este trabajo se propone un protocolo de PCR multiplex utilizando los *primers* 18S y OmyY1, para diferenciar rápidamente el sexo genotípico de *O. mykiss*. La extracción de ADN se realizó a partir de tejido de aleta de individuos sexualmente maduros de la Estación Municipal de Piscicultura Isla Pavón. Luego de optimizar las condiciones de PCR (tiempo de reacción, gradiente de temperatura, concentraciones de *primers*, MgCl₂ y dNTPs) se obtuvieron dos amplificadores en los machos, uno de 370 bp (18S) y otro de 792 bp (OmyY1). La secuencia del fragmento amplificado de 792 bp presenta una complementariedad específica del 100% con los *primers* OmyY1. Estos resultados permitieron desarrollar un protocolo económico y rápido para la determinación genotípica del sexo en trucha arco iris.

GGM 11

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA REPRESENTADA EN LOS PRINCIPALES BANCOS DE GERMOPLASMA DEL MANÍ CULTIVADO DE ARGENTINA

Moreno E.M.S., F. De Blas, J. Soave, M.G. Baldessari, M.G. Balzarini, E. Mamani, O. Royo, C. Bruno, L. Pérez, G. Seijo. Instituto de Botánica del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: emsaramoreno@gmail.com

La producción e industrialización del maní presenta continuos retos que requieren el desarrollo de nuevas variedades resistentes a estreses bióticos y abióticos. Los bancos de germoplasma de maní son ricos en razas locales, pero aún están subutilizadas en el mejoramiento del cultivo debido, en parte, a la escasa información genética y su relación con la variación fenotípica disponible de las mismas. En este trabajo se realizó una caracterización genotípica exhaustiva de las tres colecciones de germoplasma del maní en Argentina (El Carmen, IBONE e INTA), con el fin de promover su uso en el desarrollo de nuevas variedades de maní. Se genotipificaron 389 accesiones con la plataforma de SNPs AxiomII 48K. Se identificaron 13.266 SNPs polimórficos de alta calidad, con los que se calcularon estadísticos descriptivos y se estimaron la relación genética y estructuración con métodos de distancia y agrupamiento bayesiano. La colección compuesta constituye una muestra genotípicamente diversa, aunque con representación dispar de los genotipos en cada colección individual. El conjunto mostró una clara estructuración, correspondiéndose el primer nivel con las diferentes variedades botánicas y el tipo de mercado. Pero, además, se evidencia una amplia diversidad y estructuración a nivel intravarietal, más marcada en las variedades *Arachis hypogaea* L. var. *hypogaea* y *A. hypogaea* var. *fastigiata* Krapov., con cinco y tres grupos, respectivamente. Estos resultados evidencian la complementariedad en diversidad de las colecciones y que su análisis en conjunto permitirá identificar los modelos de selección genómica más apropiados para el maní en Argentina.

GGM 12

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE LA FAMILIA DE GENES DOF EN EL GENOMA DE *Arachis hypogaea* L.

Samoluk S.S.^{1,2}, J.G. Seijo^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET- UNNE), Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: samocarp31@gmail.com

La familia de genes *Dof* codifica para un grupo de factores de transcripción específicos de plantas. Los estudios de estos genes en algunos cultivos agrónomicamente importantes han revelado que los mismos tienen un papel crucial en muchos procesos de desarrollo y de respuesta a diversos tipos de estrés. La reciente publicación de los genomas del maní y sus progenitores silvestres ha generado una gran oportunidad para realizar aproximaciones genómicas que pueden ayudar a comprender la regulación de muchos caracteres de interés para el mejoramiento del cultivo. El objetivo de este trabajo fue realizar una caracterización detallada de la estructura, organización, evolución y expresión de la familia de genes *Dof* en *Arachis hypogaea* (cultivar Tifrunner), mediante análisis bioinformáticos exhaustivos. Se detectaron un total de 61 genes distribuidos en las 20 pseudomoléculas del genoma. Diferentes eventos de duplicación segmentaria y en tándem contribuyeron a la expansión de esta familia génica. Aunque las proteínas encontradas fueron variables en longitud, peso molecular y punto isoeléctrico, todas presentaron un dominio altamente conservado de 52 residuos aminoacídicos correspondiente a una estructura de dedo de zinc, característico de estos factores de transcripción. El análisis filogenético reveló la existencia de diferentes grupos de secuencias con patrones particulares en la distribución de dominios proteicos, así como de las estructuras exónicas e intrónicas. En la región promotora se encontraron motivos reguladores asociados a procesos fisiológicos tales como la respuesta a hormonas, a la luz y al estrés. Los niveles de expresión de estos genes fueron variables en los diferentes tejidos y etapas de desarrollo de la planta. Los resultados obtenidos constituyen la base para los estudios funcionales adicionales de los genes *Dof* en el maní cultivado.

GGM 13

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE GENES POTENCIALES DIANAS DE SILENCIAMIENTO MEDIANTE ARN DE INTERFERENCIA (ARNi) EN EL VECTOR DEL HLB, *Diaphorina citri* Kuwayama

Fioravante C.A., N.A. Macsemchuck, M.J. Blariza. GIGA-Grupo de Investigación de Genética Aplicada, Instituto de Biología Subtropical (IBS) UNaM-CONICET, Misiones, Argentina. E-mail: agustinafioravante@gmail.com

El psílido asiático, *Diaphorina citri*, vector de la bacteria causante de la enfermedad “Huanglongbing” (HLB), constituye la principal amenaza para la industria citrícola en todo el mundo. Debido a que la enfermedad no tiene cura y que las plantas afectadas deben erradicarse produciendo importantes pérdidas económicas, resulta de interés iniciar en esta especie el estudio de genes vinculados a la reproducción a efectos de aportar bases para el desarrollo de nuevas estrategias de control. Con este propósito, se amplificaron y secuenciaron fragmentos de ADN copia (ADNc) de los genes *Vitelogenina A1 like* (*Vg A1 like*), *3-hidroxi-3-metilglutaril coenzima A sintasa (HMGS)* y *3-hidroxi-3-metilglutaril coenzima A reductasa (HMGR)*. Se sintetizó ADNc a partir del ARN total extraído de un pool de hembras y machos adultos de *D. citri*. Se diseñaron cebadores específicos para amplificar, mediante PCR *end point*, fragmentos de los genes. Aquellos productos que revelaron banda única del tamaño esperado, se purificaron y enviaron para su secuenciación directa. Se obtuvo un segmento de 508 pares de bases (pb) correspondientes al gen HMG-CoAS, 1.123 pb del gen HMGR y 2.195 pb del gen *Vg A1 like*. Por otra parte, se analizaron las secuencias de aminoácidos deducidas a partir de las secuencias nucleotídicas de los tres genes, lo que permitió localizar regiones conservadas y analizar los porcentajes de homología e identidad con otras especies emparentadas. Este estudio constituye el primer análisis de genes prometedores en *D. citri* como potenciales blancos para silenciamiento mediante ARNi.

GGM 14

CARACTERIZACIÓN PLASTÓMICA DE ESPECIES DE *Paspalum* (POACEAE) DEL GRUPO NOTATA

Perichon M.C.¹, A.V. Reutemann², J.R. Daviña¹, E.J. Martínez², J.F. Montenegro Valls³, G.H. Rua⁴, M.A. Caraballo-Ortiz⁵, K. Romaschenko⁵, P.M. Peterson⁵, A.I. Honfí¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN-UNaM, Misiones, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ³EMBRAPA/CENARGEN, Brasilia, Brasil; ⁴Cátedra Botánica Sistemática, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ⁵Department of Botany, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington D.C., U.S.A. E-mail: constanzaperichon@gmail.com

El grupo Notata s.l. del género *Paspalum* reúne a especies de interés forrajero que son morfológicamente muy similares entre sí y presentan diferentes niveles de ploidía en base a $x=10$. Se estudiaron los genomas del cloroplasto (plastomas) de seis especies del grupo, a partir del ADN genómico total. Se prepararon bibliotecas genómicas y se secuenciaron utilizando tecnología de secuenciación de alto rendimiento (*genome skimming*). Las secuencias limpias fueron ensambladas *de novo* usando el programa NOVOplasty (versión 2.7.2) con dos tamaños de kmers (21 y 33 nucleótidos). Se logró ensamblar, circularizar y anotar siete genomas de cloroplastos de las siguientes especies: *P. barretoii* Canto-Dorow, Valls et Longhi-Wagner, *P. cerradoense* R. C. Oliveira et Valls y *P. cromyrorhizon* Trinius ex Döll. con $2n=2x=20$, *P. ellipticum* Döll con $2n=8x=80$, *P. minus* E. Fourn. con $2n=5x=50$, *P. notatum* Flügge con $2n=2x=20$ y $2n=4x=40$. Los plastomas fueron anotados y visualizados utilizando los programas GSEq, IRSCREEN y OGDRAW. Las anotaciones incluyeron genes, pseudogenes y regiones invertidas entre otras. Los análisis genómicos en progreso incluyen comparaciones estructurales entre genomas, identificación de regiones propensas a mutaciones útiles para estudios poblacionales y evaluación de tipos de selección en los genes.

GGM 15

ESTIMACIÓN DE LA FRECUENCIA DE CAMBIOS EN EL GENOMA DE CLOROPLASTOS DE PLÁNTULAS ORIGINADAS POR UNA MUTANTE EN EL GEN *MSH1* DE CEBADA (*Hordeum vulgare* L.)

Lencina F., V.J. Etchart, A.N. Garcia, A. Prina, A. Landau. IGEAF, CICVyA, INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. E-mail: lencina.franco@inta.gov.ar

El genotipo mutador de cloroplastos (*cpm*) de la cebada (*Hordeum vulgare* L.) induce un amplio espectro de deficiencias clorofílicas heredadas citoplásmicamente. Se postula que *cpm* es una mutante del gen *Msh1* perteneciente al sistema de reparación de apareamientos incorrectos del ADN y que controla la estabilidad de los plastomas. Esta mutante puede usarse para estudiar la reparación del ADN de los cloroplastos, generando variabilidad útil para el estudio funcional de los genes del plastoma y para el fitomejoramiento. Hasta el momento, se identificaron cambios en plántulas *cpm* mediante el análisis de regiones plastómicas por cpTILLING. El objetivo de este trabajo fue determinar la cantidad y el tipo de cambios existentes en el plastoma completo de siete plántulas *cpm* con diferente número de generaciones de autofecundación. Se secuenciaron por NGS 14 amplicones provenientes de *Long PCR* por cada plántula *cpm* y el control. Se mapearon las *reads* contra el genoma de referencia y también se ensamblaron *de novo* para identificar polimorfismos. Se hallaron sustituciones e indels de hasta 15 pb mediante el mapeo, e indels de hasta 620 bp mediante ensamble *de novo*. Las plántulas con 12 generaciones de autofecundación tuvieron mayor cantidad de polimorfismos (20-24) y mayor frecuencia de cambios ($1,47-1,76 \times 10^{-4}$) que las plántulas con seis generaciones, lo que se atribuye a un mayor tiempo de exposición al efecto mutador del *cpm*. Por otro lado, se detectaron cambios que no habían sido identificados por cpTILLING, indicando que la secuenciación es un método más eficaz de búsqueda de polimorfismos.

GGM 16

ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE TRANSPORTADORES DEL TIPO ABC EN SORGO DE ALEPO (*Sorghum halepense* L.) RESISTENTE A GLIFOSATO

Ulrich M.N.¹, E. Muñiz Padilla², A. Corach^{1,3}, E. Hopp⁴, D. Tosto^{1,3}. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Biotecnología/IABIMO, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Entre Ríos, Entre Ríos, Argentina; ³CONICET, Argentina; ⁴FCEyN, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. Email: ulrich.maria@inta.gov.ar

Las malezas son una de las principales causas de la disminución del rendimiento de los cultivos, entre ellas, el sorgo de Alepo es una de las de mayor impacto. La resistencia a herbicidas en malezas puede darse por diferentes mecanismos. Los mecanismos por fuera del sitio activo (NTSR) son complejos y pueden involucrar varias familias de genes, lo que dificulta la identificación de las causas moleculares de la resistencia. Estudios en otras malezas resistentes mostraron alta expresión de algunos genes de la familia de transportadores del tipo ABC inducida por glifosato; estos utilizan ATP para funcionar y transportan moléculas a través de las membranas. El objetivo del presente trabajo fue analizar la expresión de genes de la familia ABC para *Sorghum halepense* bajo aplicación de glifosato. Para ello se estudiaron los genes *M2*, *M8*, *M11*, *P1*, *P3* y *P6* bajo condiciones de aplicación de glifosato y se evaluó su expresión a las 0 y 24 h post-aplicación (HPA) en biotipos susceptibles y resistentes. Se diseñaron oligonucleótidos y se verificó la especificidad de estos analizando las secuencias de los fragmentos amplificados y las curvas de disociación, así como también se calculó la eficiencia de cada uno. Los genes seleccionados mostraron en la mayoría de los biotipos un aumento de la expresión a las 24 h respecto del to, así como también se observó que para *P6*, *M2*, *M8* y *M11* los biotipos resistentes mostraron mayor expresión que el biotipo susceptible a 24 HPA aunque se observó variabilidad en los niveles de expresión en los diferentes biotipos estudiados. El aumento en los niveles de expresión podría explicar el mecanismo molecular de la resistencia a glifosato para los biotipos de sorgo de Alepo analizados.

GGM 17

OBTENCIÓN DE LÍNEAS EDITADAS EN LOS ALELOS ALS DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum spp.*) QUE CONFIEREN RESISTENCIA A HERBICIDAS

Budeguer F., A.S. Ostengo, A. Noguera, R. Enrique. ITANOA-EEAOC, Tucumán, Argentina. E-mail: ramon.enrique.ar@gmail.com

La caña de azúcar (*Saccharum spp.*) es un cultivo tropical de propagación vegetativa que contribuye con aproximadamente el 80% de la producción de azúcar y el 40 % de la producción de biocombustibles a nivel mundial. Dicha producción está afectada por estreses bióticos y abióticos, entre los cuales la presencia de malezas disminuye drásticamente los rendimientos. La enzima Acetolactato Sintasa (ALS) cataliza la biosíntesis de los aminoácidos esenciales de cadena ramificada y es inhibida por varios herbicidas, tales como sulfonilureas e imidazolinonas, entre otros. La resistencia a herbicidas inhibidores de ALS es controlada por mutaciones específicas presentes en los alelos *als*. El objetivo del presente estudio fue editar, mediante la tecnología CRISPR-Cas, los alelos *als* de la variedad TUC 03-12 de caña de azúcar, con el propósito de conferirle resistencia a herbicidas. Se bombardearon los explantos de caña de azúcar con partículas de oro recubiertas con ribonucleoproteínas (nucleasa, ARN guía) y el ADN de reparación. Los explantos transformados fueron seleccionados y regenerados en presencia del herbicida bispiribac de sodio. Se regeneraron *in vitro* líneas de caña de azúcar potenciales resistentes al agente selectivo las cuales están en proceso de propagación para su rusticación en invernadero. Se obtuvieron líneas potencialmente editadas de caña de azúcar las cuales crecieron en presencia del bispiribac de sodio. Futuros estudios moleculares y fenotípicos son necesarios para determinar su efectividad frente a herbicidas en condiciones *ex vitro*.

GGM 18

OBTENCIÓN DE LÍNEAS TRANSGÉNICAS DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum spp.*) QUE EXPRESAN TOXINAS BT PARA EL MANEJO DEL INSECTO *Diatraea saccharalis*

Budeguer F.¹, J. Racedo¹, R. Enrique¹, M.F. Perera¹, S. Ostengo^{1,2}, A.S. Noguera¹. ¹Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Las Talitas, Tucumán, Argentina; ²Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Las Talitas, Tucumán, Argentina. E-mail: florbudeguer88@gmail.com

Diatraea saccharalis (Fabricius) (Lepidoptera: Crambidae) es considerada la plaga más importante del cultivo de caña de azúcar, ocasionando grandes pérdidas en las diferentes etapas fenológicas del cultivo. Actualmente, una de las estrategias más eficientes para el control de este insecto en otros cultivos como el maíz, es el uso de cultivos transgénicos que expresan genes de la bacteria *Bacillus thuringiensis*, denominados Bt, que codifican proteínas con actividad insecticida. Hasta el momento no se encontraron reportes del apilamiento de dos o más proteínas Bt en cultivares de caña de azúcar. El objetivo del presente estudio fue incorporar dos genes Bt mediante biobalística en callos embriogénicos de dos cultivares comerciales (TUC 95-10 y TUC 03-12) de caña de azúcar. La presencia de los transgenes fue analizada mediante PCR en 34 líneas potencialmente transgénicas. Estas plantas se aclimataron y multiplicaron en el invernadero a fin de obtener suficiente material vegetal para las posteriores evaluaciones fenotípicas y moleculares. El nivel de expresión de los transcritos en las líneas transgénicas candidatas fue analizado mediante PCR cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR). En conclusión, se obtuvieron líneas transgénicas de caña de azúcar con genes Bt sobreexpresados. Futuros estudios fenotípicos son necesarios para determinar su resistencia frente a *D. saccharalis*.

GGM 19

DIVERSIDAD GENÉTICA DE LEVADURAS EN EL PROCESO DE FERMENTACIÓN INDUSTRIAL DE BIOETANOL DE CAÑA DE AZÚCAR *Saccharum* spp. EN TUCUMÁN, ARGENTINA

Canseco Grellet M.A.¹, K.I. Dantur², M.F. Perera², P.M. Ahmed², A. Castagnaro¹, B. Welin², R.M. Ruiz¹. ¹Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán, Argentina; ²Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino, Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CCT NOA Sur, Tucumán, Argentina. E-mail: alecanseco18@hotmail.com

La producción de bioetanol combustible en Argentina aumentó significativamente en la última década. En el noroeste, el proceso de fermentación de caña de azúcar opera con reciclo de la levadura de panadería *Saccharomyces cerevisiae*. Durante el reciclo se impone una presión selectiva que conlleva a la selección de cepas domesticadas, tolerantes a estrés. El objetivo fue evaluar la diversidad genética de levaduras en procesos de fermentación industrial de bioetanol. Para ello, se aislaron levaduras de 10 destilerías de Tucumán, durante cinco zafas consecutivas. Los aislados se clasificaron según el crecimiento en distintos medios de cultivo. Con el ADN de las levaduras identificadas como *S. cerevisiae*, se amplificaron tres marcadores SSR (YOR267C, TG_VI y GT_X) y los datos obtenidos fueron analizados para calcular la similitud genética. Del total de levaduras aisladas, 58 correspondieron a levaduras silvestres (25% no-*Saccharomyces* y 5% *Saccharomyces* sp.). El análisis de SSR de las 112 levaduras *S. cerevisiae* (70%), reveló una alta variabilidad intraespecífica, distinguiéndose 33 genotipos. Solo dos levaduras autóctonas mostraron un 67% de similitud con la cepa de panadería mientras que el resto compartió una similitud $\leq 37\%$. Los resultados demostraron que la levadura de panadería utilizada como iniciador es superada por cepas domesticadas, capaces de sobrevivir a lo largo de los ciclos fermentativos. El conocimiento generado permitirá identificar cepas iniciadoras de *S. cerevisiae* dominantes y persistentes, adecuadas para llevar a cabo fermentaciones eficientes y estables.

GGM 20

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE DOS CEPAS FÚNGICAS AISLADAS DE SUELO CONTAMINADO CON CROMO HEXAVALENTE

Aranguiz C.^{1,2}, A.S. Tatarin^{1,2}, M.A. Sadañoski^{1,2}, M.A. Polti³, M.I. Fonseca^{1,2}. ¹Laboratorio de Biotecnología Molecular, Instituto de Biotecnología Misiones, Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ²CONICET, Buenos Aires, Argentina; ³Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), Tucumán, Argentina. E-mail: camiaranguiz76@gmail.com

El cromo hexavalente [Cr(VI)] es un contaminante muy estudiado ya que el mismo afecta la salud humana y el ambiente. El grupo de trabajo seleccionó, anteriormente, dos hongos por presentar alta tolerancia frente al Cr(VI). Es así que resulta importante identificar molecularmente hongos con potencial biotecnológico. El objetivo del trabajo fue identificar molecularmente dos hongos aislados de suelo de una industria de curtiembre. Para la identificación de *Trichoderma* sp. LBM 253 se amplificaron los espaciadores transcritos internos (ITS) del rDNA, utilizando los cebadores ITS1 e ITS2 y un fragmento del gen que codifica para el factor de elongación de la traducción 1- α (tef1), con los cebadores TEF-1f y EF728R. Para el caso de *Penicillium* sp. LBM 260 se amplificó la región ITS utilizando los cebadores ITS1 e ITS4, una región del gen de la β -tubulina (Bt) utilizando los cebadores Bt2aF y Bt2bR y una región del gen de la calmodulina (CMD) utilizando los cebadores CMD-5 y CMD-6. Luego se realizó la secuenciación de los productos amplificados. A partir de las secuencias resultantes se realizó el análisis de las mismas y se contrastó con la base de datos BLAST. Posteriormente, se realizó el alineamiento y agrupamiento de las secuencias. Finalmente, los árboles filogenéticos concatenados ubicaron a *Trichoderma* sp. LBM 253 como *T. koningiopsis* y a *Penicillium* sp. LBM 260 como *P. brasilianum*. Como conclusión, se confirmaron sus identidades, destacando la importancia de la identificación molecular como parte del proceso de selección de organismos con alta tolerancia al Cr(VI).

GGM 21

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR Y CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE *Hornodermoporus martius* LBM 224 EN MEDIO DE CULTIVO SÓLIDO

Swiercz F.A., G.A. Acosta, S.F. Benítez, M.I. Fonseca, P.D. Zapata. Laboratorio de Biotecnología Molecular, InBioMis (FCEQyN-UNaM), Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: francoswiercz@gmail.com

La identificación de una especie fúngica puede realizarse mediante el uso de marcadores moleculares y sus caracteres morfológicos. El objetivo de este trabajo fue realizar la identificación mediante marcadores moleculares y los caracteres morfológicos en medio sólido de cultivo del aislamiento fúngico LBM 224. La identificación molecular se realizó mediante amplificación por PCR del gen del ARN 28S. La extracción del ADN se realizó con cloroformo:alcohol isoamílico (24:1, v:v). Las secuencias se analizaron mediante el método de *Neighbour joining* junto al modelo de Kimura 2-*parámetros* y un *bootstrap* con 1000 réplicas. La caracterización morfológica se realizó a partir del cultivo en placa de Petri con medio sólido agar-extracto de malta y tinción con Melzer. La secuencia obtenida se reportó en el GenBank (Nº acceso: MT448725). La cepa se agrupó dentro de un clado monofilético con un *bootstrap* de 96 con cepas de *Hornodermoporus martius*. Macromorfológicamente, presentó un micelio de bordes irregulares, de color blanco y aspecto polvoso. Micromorfológicamente, presentó un sistema hifal trimítico con hifas generativas hialinas de paredes finas fibuladas e inamiloides, hifas esqueléticas arboriformes fuertemente dextrinoides e hifas conectivas levemente dextrinoides; se observaron clamidosporas hialinas, elipsoides de paredes gruesas e inamiloides. Mediante el marcador molecular utilizado complementado con la micromorfología se logró identificar la especie abordada. La correcta identificación y caracterización de un organismo constituye la base para estudios posteriores.

GGM 22

EMPLEO DE UN SISTEMA CRISPR-CAS TIPO I-F1 PARA LA EDICIÓN DE GENES EN BACTERIAS

Molina M.C., C. Quiroga. Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPAM, UBA-CONICET), Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mariamolina@fmed.uba.ar

En la naturaleza, los sistemas CRISPR-Cas reconocen y degradan elementos genéticos móviles invasores. Estos sistemas pueden ser reprogramados hacia blancos de interés para silenciamiento temporal o edición de genes. Como objetivo, nos propusimos estudiar el sistema CRISPR-Cas I-F1 de *Shewanella xiamenensis* Sh95 y evaluar su actividad frente a diversas bacterias. Para ello, se diseñaron y clonaron en el vector pCDFDuet secuencias guías de ARNs de CRISPRs que, provistas en *trans*, reconocen específicamente *gfpmut3* del plásmido pBKgfp (Kan^R), y una guía con una secuencia no complementaria como control. En el entorno nativo, se pudo observar el efecto del sistema sobre *gfpmut3* por observación directa al microscopio de epifluorescencia. La cuantificación por fluorimetría arrojó una reducción de los niveles de fluorescencia relativa del ~71,5%. Mediante selección en medio LB con kanamicina se evidenció el curado de pBKgfp, que fue confirmado por PCR. En paralelo, se clonaron los genes del sistema CRISPR-Cas I-F1 en el vector pRSFDuet, en presencia y ausencia de *cas2/3* que codifica la nucleasa, con el fin de estudiar su actividad heteróloga en *Escherichia coli* BL21(DE3). En presencia de Cas2/3 evidenciamos una reducción de la fluorescencia por microscopía. Nuestros resultados sugieren que el sistema CRISPR-Cas tipo I-F1 de *S. xiamenensis* Sh95 podría ser reprogramado hacia distintos genes blanco y emplearse tanto como herramienta secuencia específica contra patógenos bacterianos, así como también, para manipulaciones genéticas de bacterias de interés biotecnológico e industrial.

GGM 23

CAMBIOS EN LAS COMUNIDADES BACTERIANAS PRESENTES EN UN EFLUENTE CITRÍCOLA TRATADO CON *Pleurotus pulmonarius* INMOVILIZADO EN ESPONJA VEGETAL

Saguchi E.Y., S.F. Benitez^{1,2}, A.S. Tatarin^{1,2}, P.D. Zapata^{1,2}, M.A. Sadañoski^{1,2}, L.N. Levin³, M.I. Fonseca^{1,2}. ¹Laboratorio de Biotecnología Molecular, Instituto de Biotecnología Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ²CONICET, Argentina; ³Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Laboratorio de Micología Experimental, INMIBO-CONICET, Argentina. E-mail: akemisaguchi96@gmail.com

La industria citrícola genera efluentes que imponen un desafío ambiental debido a su gran contenido de materia orgánica y variabilidad físico-química. En trabajos anteriores se seleccionó a *Pleurotus pulmonarius* LBM 105 inmovilizado en esponja vegetal como una alternativa eco-amigable para su tratamiento. El objetivo de este estudio fue evaluar los cambios en las comunidades bacterianas presentes en un efluente citrícola luego de este tratamiento. Para ello se tomaron muestras de 50 mL del efluente inicial y luego de 10 días de tratamiento, las cuales se centrifugaron para obtener un pellet a partir del cual se extrajo el ADN genómico utilizando el kit NucleoSpin® soil (Biocientífica SA ARGENTINA). El ADN obtenido se envió a MacroGen Inc. (Seúl, Corea del Sur) para la amplificación, construcción de librería y secuenciación de la región V3-V4 del gen 16S rRNA. Los controles de calidad, análisis de secuencias y asignación de unidades taxonómicas operacionales (OTUs) se realizaron con los programas IlluQC v.0.11.2. y Mothur v.1.22.2. Los OTUs fueron clasificados con la base de datos Silvaseed v.132 y los gráficos de los perfiles taxonómicos se realizaron en un entorno R v.4.1.3 utilizando el paquete Phyloseq. Los perfiles taxonómicos a nivel de phylum en el control estuvieron dominados por Firmicutes, mientras que en el tratamiento predominaron Proteobacteria y Bacteroidetes. El número de comunidades bacterianas a nivel de género en el tratamiento fue más abundante que en el control, indicando que el tratamiento realizado representa una alternativa promisoriosa.

GGM 24

DISEÑO DE CEBADORES PARA LA AMPLIFICACIÓN DE UN GEN QUE CODIFICA UNA LIPASA PRODUCIDA POR *Penicillium rubens* LBM 081

Miguel N.A.¹, L.E. Ortellado^{1,2}, M.D. Rodríguez^{1,2}, P.D. Zapata^{1,2}, L.L. Villalba¹. ¹Laboratorio de Biotecnología Molecular, Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ²CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: nico.mmiguel@gmail.com

Las lipasas producidas por *Penicillium rubens* LBM 081 aislado de la provincia de Misiones, tienen aplicaciones en numerosos procesos productivos, como es el tratamiento de efluentes que contienen grasas y aceites, la fabricación de detergentes y el procesamiento de cuero y papel. El desarrollo de tecnologías basadas en lipasas para la síntesis de nuevos compuestos está expandiendo el uso de estas enzimas. Por esto, la identificación de genes que codifican lipasas que presenten nuevas propiedades es de interés no solo académico sino también industrial. El objetivo del presente trabajo fue diseñar cebadores capaces de amplificar un fragmento génico que codifica la lipasa EC. 3.1.1.3 producida por la cepa *P. rubens* LBM 081. Se inició el diseño de cebadores llevando a cabo una búsqueda de similitud de secuencias; para ello se realizó un BLASTn (*Basic Local Alignment Search Tool For Nucleotide*) entre el genoma completo de *P. rubens* (GenBank GCA_019189275.1) y la secuencia del gen que codifica una lipasa de un aislado de *Penicillium allii* (GenBank AY303124.1), hallándose una secuencia de elevada similitud en el genoma de *P. rubens*. A partir de la secuencia génica obtenida se efectuó el diseño de cebadores específicos que permitan la amplificación de esta porción génica. Se utilizó el programa *Primer 3* para el análisis *in silico* de los cebadores obtenidos, los cuales presentaron valores óptimos para las variables de longitud, Tm y contenido G:C (Guanina:Citosina).

MV

**MEJORAMIENTO
VEGETAL**

**PLANT
BREEDING**



MV 1

EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD DE REGENERACIÓN DIRECTA *IN VITRO* DE MATERIALES DE ALGODÓN *Gossypium hirsutum* L.

Ledesma R.J., M. Tcach, A. González. UNCAUS-INTA, Chaco, Argentina. E-mail: rociojulietaledesma@gmail.com

Décadas de domesticación intensiva sobre el algodón *Gossypium hirsutum* L., lograron grandes avances productivos, aunque acarrearón una disminución en la variabilidad genética del mismo. El uso de técnicas biotecnológicas como la transformación genética y la edición génica permiten aumentar la diversidad, pero el éxito del proceso depende de la capacidad de regeneración *in vitro* y regeneración de plantas, que, en el caso de algodón, queda limitado a unos pocos materiales de la variedad Coker. El objetivo del trabajo fue evaluar la respuesta a la regeneración directa *in vitro* de tejidos meristemáticos de genotipos de algodón pertenecientes al programa de mejoramiento genético de INTA. Para ello se evaluaron las variedades Guazuncho 4, Porá 3, Guaraní INTA (BG-RR), la línea SP 1331 (tolerante IMI) y el genotipo Coker 312 como testigo. Se usaron ápices embrionarios como explantes y se ensayaron bajo tres protocolos diferentes (Hemphill, Pathi y Tuteja, y Morre), que utilizan distintas concentraciones en el medio de cultivo de reguladores de crecimiento (BAP, IBA y KIN), como característica diferencial en el medio de inducción. Luego de los ensayos de regeneración directa, se obtuvieron plantas enteras, de fenotipo normal para todos los genotipos evaluados, aunque el mayor número de explantes regenerados con raíz se obtuvo para la variedad guaraní INTA (BG-RR), bajo el protocolo de Hemphill. Se obtuvo así, una respuesta dependiente del genotipo según el protocolo utilizado y se observaron múltiples brotes usando el protocolo de Pathi y Tuteja; los materiales de los cuales se obtuvo mayor número de múltiples brotes fueron la variedad Guaraní INTA (BG-RR) y la línea SP 1331 (tolerante IMI).

MV 2

EFFECTOS DE LOS RAYOS X EN DOS VARIEDADES DE *Pisum sativum* L.

García A.N., M.A. Espósito, I. Gatti, V.J. Etchart, F. Lencina, A. Landau. Instituto de Genética, Buenos Aires, Argentina. E-mail: garcia.araceli@inta.gob.ar

La arveja (*Pisum sativum* L.) es una legumbre de invierno; es cultivada principalmente en la Región Pampeana, siendo Argentina el principal productor y exportador de América del Sur. La técnica de mutaciones inducidas permite generar variabilidad requerida en el proceso de mejoramiento genético. Es fundamental establecer la sensibilidad del genotipo y así determinar un rango de dosis. Se evaluaron los efectos de los rayos X sobre un genotipo de arveja de cotiledón verde (Av) y uno de cotiledón amarillo (Aa). Se irradiaron semillas de cada genotipo con 5 dosis. Las dosis fueron 0 Gy, 100 Gy, 150 Gy, 200 Gy, 250 Gy y 300 Gy para Aa y 0 Gy, 200 Gy, 250 Gy, 300 Gy, 350 Gy y 400 Gy para Av. Se usó semilla sin irradiar como control. Se sembraron 50 semillas por dosis con cuatro repeticiones. Se registró el porcentaje de germinación de la semilla irradiada (M1) en cámara húmeda. En invernáculo se sembraron en maceta. Se registró emergencia, altura de la planta, número de nudos/planta, número de vainas/planta, número de semillas/planta, presencia de deficiencias clorofílicas (dcl) y variaciones morfológicas (vm) y supervivencia. El diseño experimental fue en bloques al azar con dos repeticiones. La evaluación se realizó sobre 288 plantas por genotipo. Este estudio demuestra el efecto de los rayos X sobre la altura de la planta, el número de semillas/planta, la supervivencia y presencia de dcl y vm. El resto de las variables no difirieron significativamente (Tukey, $p < 0.05$). Se estableció para ambos genotipos que el rango de dosis de rayos X de 200-250 Gy genera variabilidad sin comprometer el desarrollo de la planta.

MV 3**GENERACIÓN DE POBLACIONES MUTAGENIZADAS DE MANÍ (*Arachis hypogaea* L.) MEDIANTE RAYOS X**

Etchart V.J., J. Baldessari, I.A. Pérez, J.A. Paredes, A.N. García, F. Lencina, A. Landau. Instituto de Genética, CICVyA, INTA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: etchart.valeria@inta.gob.ar

El maní (*Arachis hypogaea* L.) es una leguminosa nativa de Sudamérica. Sus semillas contienen aceite comestible de alta calidad, proteína, carbohidratos, vitaminas, minerales, y fibra. Argentina es el séptimo productor y principal exportador mundial de maní de calidad y aceite. La producción de maní es una economía regional relevante; alrededor del 90% se produce e industrializa en Córdoba, el resto en La Pampa, San Luis, Salta, Jujuy y Buenos Aires. Los programas de mejoramiento desarrollan cultivares según necesidades del productor, industria y consumidor. Es imprescindible contar con variabilidad genética e identificar genotipos que porten alelos deseables, o generarlos si no se encuentran en la naturaleza. La inducción de mutaciones permite obtener nueva variabilidad y amplía posibilidades de identificar variantes útiles. Los objetivos de este trabajo fueron evaluar el efecto de rayos X en dos genotipos comerciales de maní (Granoleico y ASEM 400), seleccionar dosis a utilizar y generar poblaciones M_2 con variabilidad genética incrementada. Se expusieron semillas (M_0) de ambos genotipos a cinco dosis de rayos X en un rango entre 100 y 600Gy. Las semillas tratadas (M_1) se sembraron en macetas en invernáculo, en diseño en bloques al azar con tres repeticiones, incluyendo un testigo. Se evaluó porcentaje de germinación, emergencia y supervivencia, altura de planta, frecuencia de deficiencias clorofílicas y anomalías morfológicas. Se seleccionaron dosis de 350/450Gy para Granoleico y 250/300Gy para ASEM 400, y se desarrollaron poblaciones M_2 que se evaluarán en la próxima campaña de cultivo.

MV 4**DIVERGENCIA GENÉTICA VS. HOMOLOGÍA CROMOSÓMICA COMO ESTIMADORES DE VIABILIDAD GAMÉTICA EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS F_1 DE *Arachis* L.**

García A.V.¹, E.M. Moreno², F. De Blas¹, J.G. Seijo¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: jgseijo@yahoo.com

La viabilidad gamética o del polen es uno de los mejores indicadores de la compatibilidad genómica en híbridos interespecíficos de *Arachis* L. Recientemente, se ha postulado que la estimación de la distancia genética entre las especies parentales podría ser un buen estimador para mejorar la predicción de dicho parámetro. Para testear esta hipótesis, se evaluó la distancia genética interespecífica en relación a la variación en el comportamiento cromosómico y la viabilidad de polen en diferentes combinaciones híbridas. Para ello se estimaron las distancias genéticas de seis especies representantes de los genomas A, B y K de la sección *Arachis* utilizando polimorfismos de nucleótido simple y se analizó la frecuencia de bivalentes en diacinesis y la viabilidad de polen en 13 combinaciones híbridas F_1 intra e intergenómicas. La baja (y negativa) relación observada entre la distancia genética y la frecuencia de bivalentes, así como con la viabilidad de polen, refleja la baja influencia de las diferencias nucleotídicas simples sobre la homología global de los cromosomas, así como también sobre la viabilidad gamética. Por otra parte, la alta (y positiva) correlación entre la frecuencia de bivalentes y la viabilidad de polen indica que la segregación regular dependiente de la homología cromosómica es un factor de mayor peso en la sobrevida gamética. Por lo tanto, la distancia genética no sería un buen estimador para la selección de las mejores combinaciones de especies parentales para obtener híbridos F_1 fértiles de *Arachis*, tal como se propone desde los análisis filogenéticos para la selección.

MV 5

APILAMIENTO DE GENES DE RESISTENCIA A TRES ENFERMEDADES DE SOJA MEDIANTE SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES

Rocha C.M.¹, G. García¹, E.M. Pardo¹, M.A. Chiesa². ¹Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Instituto de tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Tucumán, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencia Agrarias de Rosario (IICAR), Santa Fe, Argentina. E-mail: carlirocha32@gmail.com

Las enfermedades Síndrome de la Muerte Súbita (SMS), Cancro del Tallo de la Soja (CTS) y Mancha Ojo de Rana (MOR) afectan significativamente el rendimiento del cultivo de la soja, *Glycine max* (L) Merr. La resistencia genética es el modo más eficiente, seguro, sustentable y económico de control. No existen cultivares comerciales con resistencia a las tres enfermedades simultáneamente. Los marcadores moleculares (MM) microsatélites (SSR) ligados a genes R de interés se pueden utilizar como herramienta para identificar genotipos portadores de dichos genes. A su vez, mediante la selección asistida por MM (SAM), se pueden introgresar estos genes en un único genotipo elite (apilamiento). El objetivo de este trabajo fue apilar genes R/QTLs a través de SAM con MM-SSR ligados a QTLs SMS, *Rdm4* y *Rsc3* de resistencia a SMS, CTS y MOR respectivamente. Para ello se llevó a cabo un genotipificado en el banco de germoplasma de soja de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) y se seleccionaron parentales. Luego se realizaron ciclos de cruzamientos y retrocruzamientos hasta obtener líneas portadoras de QTLs/genos R. Se obtuvieron nueve líneas con distintas combinaciones de QTLs/genos R, de las cuales dos poseen los MM ligados a los QTLs/genos R para las tres enfermedades en un fondo genético de interés. Los resultados obtenidos permitirán avanzar de forma eficiente, rápida y sustentable en el desarrollo de genotipos con características agronómicas mejoradas para tres enfermedades con impacto significativo en el rendimiento de soja en Argentina.

MV 6

CONDICIONES DE BOMBARDEO DE PARTÍCULAS CON PROTEÍNA VERDE FLUORESCENTE PARA UNA EFICAZ TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE CEBADA

Gomez Ibarra A.R.¹, E.D. Souza Canada¹, G.R. Pratta^{1,2}, M.V. Busi³, H. Permingeat^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²IICAR-CONICET, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ³Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR-CEFOBI, Rosario, Santa Fe, Argentina. E-mail: gomezibarra@iicar-conicet.gob.ar

La transgénesis es una herramienta clave en el mejoramiento genético de los cultivos y depende de un conjunto de variables específicas para su éxito. En la biolística, éstas se pueden agrupar como parámetros biológicos y físicos, asociados al explanto, al medio del cultivo *in vitro*, al tipo, tamaño y a la densidad de las partículas de bombardeo, junto con la fuerza propulsora y la distancia al objetivo que determinan la intensidad del impacto de la partícula. Con el objetivo de mejorar la efectividad de esta técnica, se analizó la expresión transiente de la proteína verde fluorescente (GFP) sobre la superficie de escutelos maduros (EM) e inmaduros (EI) del genotipo de cebada Golden Promise. Se bombardearon tres placas conteniendo 20 embriones cada una, sujetos a tratamiento osmótico pre- (4-5 h) y post-bombardeo (16 h) a distintas alturas (3, 6 y 9 cm) y presiones de bombardeo (900 y 1200 psi) con partículas de tungsteno (1,1 µm) recubiertas de un plásmido con el marcador de GFP. En los explantos se constató la expresión génica en forma de puntos fluorescentes mediante microscopía de epifluorescencia. Los EI bombardeados a 900 psi y 6 cm de distancia mostraron el mayor número de puntos fluorescentes en sus células. El análisis de chi cuadrado no detectó diferencias significativas entre presiones, pero si entre EM y EI y distancias para el porcentaje de transformación. En el caso de los EM se evidenciaron considerables valores nulos de expresión en ambas presiones a 9 cm. Estos resultados constituyen un avance importante en la construcción de un protocolo de transformación genética de cebada.

MV 7

IDENTIFICACIÓN DE REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A LA RESISTENCIA A LA ROYA ESTRIADA EN UNA POBLACIÓN DE MAPEO POR ASOCIACIÓN DE TRIGO PAN

Polacco A.N.¹, M.F. Franco^{1,2}, P.E. Campos³, L.S. Vanzetti^{2,4}.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; ³Estación Experimental Agropecuaria INTA Bordenave, Bordenave, Argentina; ⁴Estación Experimental Agropecuaria INTA Marcos Juárez, Marcos Juárez, Argentina. E-mail: ainaranoepolacco@gmail.com

La roya estriada causada por *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) es una de las enfermedades más devastadoras del cultivo de trigo que ocasiona reducciones significativas tanto en rendimiento como en calidad. En los últimos años, nuevas razas más virulentas superaron muchos de los genes de resistencia conocidos en el germoplasma de Argentina. Con el fin de identificar nuevas regiones genómicas asociadas a la resistencia a *Pst*, se realizó un estudio de mapeo por asociación (GWAS) en un panel de 245 genotipos de trigos primaverales. El panel fue caracterizado por la severidad del ataque de *Pst* (resistencia de planta adulta -APR-) en ensayos a campo durante dos años y su resistencia o susceptibilidad en plántula en condiciones de invernáculo frente a dos razas prevalentes en Argentina. La población fue genotipificada con 90K SNPs (Illumina), resultando en un set de 22.226 marcadores SNP informativos a lo largo de todo el genoma. Los datos fenotípicos reflejaron que el panel posee suficiente variabilidad genética para la búsqueda de fuentes de resistencia a *Pst*. Se observaron altas correlaciones en los datos fenotípicos entre los años evaluados ($r=0,82$) y una alta heredabilidad para la severidad de la enfermedad ($H^2=0,89$). Mediante GWAS, se identificaron 12 regiones genómicas asociadas a la resistencia a *Pst* ($LOD > 5$): cuatro asociadas a la APR y ocho asociadas a la resistencia de plántula. El porcentaje de variación fenotípica explicado varió entre 2% y 32,6%. Estos resultados constituyen un avance promisorio en la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia a la enfermedad.

MV 8

REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS CON RESISTENCIA A LA ACUMULACIÓN DE DEOXINIVALENOL POR *Fusarium graminearum* Schwabe EN UNA POBLACIÓN BIPARENTAL DE TRIGO PAN

Franco M.F.^{1,2}, I. Malbrán^{2,3}, M.P. Alonso², J.S. Panelo⁴, G.A. Lori^{2,5}, A.C. Pontaroli^{2,6}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; ³Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ⁴Department of Agronomy, Iowa State University, Ames, Iowa, EEUU; ⁵Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CIC), La Plata, Argentina; ⁶Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Balcarce, Argentina. E-mail: franco.fiorella@inta.gob.ar

La Fusariosis de la espiga de trigo, causada por *Fusarium graminearum* Schwabe, es una enfermedad destructiva que ocasiona disminución del rendimiento y de la calidad, y también provoca severas contaminaciones por micotoxinas como el deoxinivalenol (DON) en los granos infectados. La obtención de variedades con mayor resistencia juega un rol clave en el manejo integrado de la enfermedad y la prevención de la contaminación de los granos. A fin de identificar regiones genómicas asociadas con la resistencia a la acumulación de DON, se realizó un mapeo de QTL en una población biparental de 80 RILs derivadas del cruzamiento Baguette 10/Klein Chajá. La enfermedad fue inducida en la población mediante inoculación controlada en ensayos de campo durante 2016 y 2017. El contenido de DON fue cuantificado a partir de grano molido mediante un ensayo de inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA). Las RILs fueron genotipificadas con un chip de 35K SNP. Se construyó un mapa de ligamiento con 857 marcadores y se realizó un mapeo por intervalo compuesto. Los datos fenotípicos reflejaron que la población posee suficiente variabilidad para la búsqueda de fuentes de resistencia. La heredabilidad del carácter fue 0,62. Se detectaron dos QTL asociados con la resistencia a la acumulación de DON en los cromosomas 4A y 5A, que explicaron en conjunto 29% de la variación fenotípica. No se detectó interacción QTL por ambiente ($p < 0,01$) ni entre QTL ($p < 0,01$). Estos resultados constituyen un avance promisorio para el mejoramiento por resistencia a la acumulación de DON por *F. graminearum*.

MV 9

GENES DE INTERÉS AGRONÓMICO BAJO PRESIÓN DE SELECCIÓN EN TRIGOS DE ARGENTINA

Garis S.B.¹, D. Gomez¹, G. Donaire¹, L.S. Vanzetti^{1,2}. ¹EEA INTA Marcos Juárez, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. E-mail: solbgaris@gmail.com

El trigo pan (*Triticum aestivum* L.) es el cereal invernal más importante de Argentina a nivel comercial y nutricional. Cambios en la frecuencia alélica (FA) de genes de importancia agronómica evidencian presión de selección al mejorar la adaptación y el rendimiento potencial en ambientes locales. En este trabajo se evaluó mediante marcadores moleculares la frecuencia alélica de tres genes de importancia agronómica, *GNI-A1*, *Ppd-1* y *Vrn-1*, en una colección de 190 variedades de diferentes criaderos comerciales entre 1930 y 2021. Para el gen *GNI-A1*, relacionado con fertilidad de espiga, se observó que a través de los años aumentó la FA asociada a la alta fertilidad de espiga (105Y = 35 al 59%). En cuanto a la FA para los genes relacionados con la vernalización, se observó un incremento en las combinaciones alélicas que promueven genotipos con moderados y altos requerimientos de frío o “invernales” para *Vrn-1*, respecto de genotipos “primaverales” (0 al 25% vs. 100 al 75%, respectivamente). Por otro lado, se observaron aumentos en las FA para bajos requerimientos fotoperiódicos o “insensibles” a *Ppd-1*, respecto de las combinaciones de altos requerimientos fotoperiódicos o “sensibles” (63 al 88% vs. 38 al 12% respectivamente). Estos datos sugieren una presión de selección en genes relacionados con algunos componentes de rendimiento como fertilidad de espiga (*GNI-A1*) y genes relacionados con la definición del ciclo o adaptación del cultivo (*Vrn-1* y *Ppd-1*), que modifica los ideotipos en trigos de Argentina.

MV 10

CARACTERIZACIÓN DEL GEN ω -6 LÍPIDO DESATURASA (*FAD2*) EN TRIGO CANDEAL Y ESTUDIO DE SU EXPRESIÓN FRENTE A BAJAS TEMPERATURAS

Cuppari S.Y.¹, A.D. Carrera^{1,2}, M.L. Díaz^{2,3}. ¹Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; ³Dpto. Biología Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. E-mail: selva.cuppari@uns.edu.ar

El frío provoca daños en las membranas celulares de las plantas afectando su integridad y función. Las desaturasas introducen dobles enlaces en los ácidos grasos de las membranas provocando variaciones en su fluidez atenuando los efectos por bajas temperaturas. La enzima *FAD2* (ω -6 lípido desaturasa) participa en esta respuesta convirtiendo el ácido oleico (C18:1) en linoleico (C18:2). *Triticum turgidum* ssp. *durum* L. o trigo candeal, es un trigo alotetraploide cultivado principalmente en el sur de la Prov. de Bs. As, y se encuentra expuesto a heladas durante su cultivo. El objetivo fue caracterizar el locus *FAD2* y analizar su expresión, mediante qRT-PCR, a 4^o C durante 24, 72 y 144 h en tres genotipos de trigo candeal, dos primaverales (P) y uno invernal. Mediante mapeo sobre el genoma de referencia del cv. Svevo, se identificaron cuatro copias del gen localizadas en los cromosomas 6A y 6B, dos de las cuales son pseudogenes y una posee un retrotransposon. *FAD2* presenta una longitud de 1.200 pb y no contiene intrones. Los % de identidad entre homeólogos sugieren un evento de inversión en el genoma B, en la región donde mapean las copias. En su promotor se identificaron sitios de unión a factores de transcripción relacionados con estrés abiótico, como AP2/ERF, bHLH y MyB. La expresión de *FAD2* se vio incrementada significativamente a las 24 h en los P, y a las 144 h en los tres genotipos. Se concluye que: a) en la evolución del locus *FAD2* de trigo ocurrieron duplicaciones y rearrreglos, b) el frío induce la expresión de *FAD2* en trigos primaverales e invernales, aunque con diferencias en la respuesta.

MV 11

DETECCIÓN DE REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A RENDIMIENTO EN CONDICIONES DE ESTRÉS HÍDRICO MEDIANTE MAPEO POR ASOCIACIÓN EN *Triticum aestivum* L.

Schumacher G.^{1,2}, G. González¹, A. Carrera^{3,4}, F. Giménez¹, A. González¹, M. Balmaceda^{5,6}, M. Ruiz⁷, S. Páez⁶, D. Gómez⁸, L.S. Vanzetti^{8,2}. ¹EEA INTA Bordenave, Buenos Aires, Argentina; ²Concejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; ³Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Buenos Aires, Argentina; ⁴Centro de Recursos Naturales de la Zona Semiárida (CERZOS-CONICET), Buenos Aires, Argentina; ⁵UNSJ-CONICET, San Juan, Argentina; ⁶EEA INTA San Juan, Argentina; ⁷Ing. Agronómica, Unidad Integrada INTA-UNSJ, San Juan, Argentina; ⁸EEA INTA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. E-mail: schumacher.gustavo@inta.gob.ar

Elestrés hídrico es uno de los principales determinantes de las pérdidas de rendimiento en los cultivos. Los estudios de asociación de genoma completo (GWAS) permiten identificar relaciones marcador-carácter y conocer la arquitectura de rasgos complejos. En este trabajo se realizó un GWAS utilizando un panel de 287 trigos primaverales provenientes de CIMMYT (WAMI), genotificados con 90K SNPs. El panel fue evaluado para rendimiento en ensayos a campo, con dos tratamientos (TRAT), control (riego) y estrés (déficit hídrico), en la localidad de Bordenave, Bs. As. (BVE) y solamente condición de estrés en la localidad de Pocito, San Juan (PO). Los experimentos se realizaron durante 2021 bajo un diseño experimental aumentado sin repeticiones. El rendimiento promedio de BVE-control fue de 5,306,51 ± 705,04 kg/ha, BVE-estrés fue de 2.777,78 ± 618,47 kg/ha y PO-estrés fue de 1.756 ± 446,03 kg/ha, alcanzándose un nivel de estrés alto en BVE y muy alto en PO. Mediante GWAS se detectaron cinco SNPs asociados con rendimiento (FDR < 0,05) en los cromosomas 1B, 2A, 2D, 3A y 5D. En todos los casos se observó un efecto significativo del SNP ($p < 0,05$) sobre el promedio de rendimiento, mostrando un efecto entre un 1,9 y 26,8% según el marcador identificado. También se observó un efecto altamente significativo de la interacción SNP x TRAT ($p < 0,001$) en todos los casos, sugiriendo un efecto diferencial de estas regiones en condiciones de estrés hídrico. Como conclusión se resalta que en la población WAMI existen regiones genómicas detectables que modifican el rendimiento bajo condiciones hídricas contrastantes.

MV 12

OPTIMIZACIÓN DE LA CANTIDAD DE AÑOS, LOCALIDADES Y REPETICIONES PARA LA EVALUACIÓN DE LA CALIDAD DE CULTIVARES COMERCIALES DE TRIGO PAN EN ARGENTINA

Mójica C.J.^{1,2}, P.E. Abbate³, E.A. Rossi², N.C. Bonamico², M.G. Balzarini^{4,5}. ¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Escuela para Graduados, Universidad Nacional de Córdoba, (FONCYT-UNC), Córdoba, Argentina; ²Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Argentina; ³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA Balcarce), Buenos Aires, Argentina; ⁴Facultad de Ciencias Agropecuarias, Estadística y Biometría, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁵UFyMA, INTA-CONICET, Argentina. E-mail: jmojica@ayv.unrc.edu.ar

La selección de cultivares superiores requiere optimizar la generación de la base de datos sobre la cual se realizará el análisis comparativo de cultivares. El objetivo del presente trabajo fue determinar la cantidad mínima de años, localidades y repeticiones necesarias para la evaluación de la calidad en la Red de evaluación de cultivares comerciales de trigo pan de Argentina (RET-INASE). Durante el periodo 2014-2019, se evaluaron 131 cultivares comerciales de trigo pan, en 10 localidades de la región triguera argentina. Las variables analizadas fueron peso hectolítrico (PH), concentración de proteína del grano (PROT), concentración de gluten húmedo (GH), W alveográfico (W), volumen de pan (VOL), estabilidad farinográfica (EF), rendimiento de harina (RH) y contenido de cenizas (CEN). Se calcularon componentes de varianza que fueron usadas para determinar el mínimo número de años de evaluación para obtener una estimación precisa de la calidad, a través de curvas de operación ($\beta > 0,9$). También se estimó el número de localidades y repeticiones dentro de los ensayos requeridos para obtener un valor de repetibilidad de 0,75. Los resultados indican que para GH, PROT y CEN se requieren al menos tres años de evaluación en una sola localidad, cuatro para W y más de cinco para PH, VOL, EF y RH. Tres localidades en un año son necesarias para GH, W, CEN, VOL y RH, y cuatro o más para PH, PROT y EF. Dos repeticiones por ensayo son suficientes, excepto para PROT y VOL que precisan tres y CEN cuatro repeticiones. Estos resultados permiten optimizar la evaluación de la calidad de trigo pan en Argentina.

MV 13

USO DE UN ÍNDICE DE SELECCIÓN EN GIRASOL POR SU NIVEL DE RESISTENCIA PARCIAL A LA PODREDUMBRE BLANCA DE LOS CAPÍTULOS

Rosas M.L.^{1,3}, M.A. Dinon^{1,3}, S.G. Delgado^{1,3}, F.D. Castaño^{1,3}, C.B. Troglia^{2,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias-UNMdP, Buenos Aires, Argentina; ²Estacion Experimental Agropecuaria Balcarce-INTA, Buenos Aires, Argentina; ³Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce, INTA- FCA-UNMdP), Buenos Aires, Argentina. E-mail: maria_lionela@hotmail.com

En girasol, el uso de un índice de selección (IdS) mejoraría los componentes resistencia parcial a *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary en simultáneo. El objetivo fue detectar la ponderación del IdS con la mayor respuesta a la resistencia combinada en capítulos. En Balcarce se evaluaron 13 líneas (cinco hembras-A y ocho machos-R) y 28 F₁ de un factorial 4-A x 7-R. Se realizó un DBCA con dos repeticiones. Se incluyó además un híbrido comercial (T). Los capítulos se asperjaron con una suspensión acuosa con 3.500 ascosporas del hongo, según un protocolo francés. En los capítulos enfermos, se obtuvo: 1) PIR, días entre inoculación-primer síntoma, relativo a T, 2) CLR, coeficiente de regresión lineal simple (b) del avance de la severidad entre primer síntoma-severidad máxima, relativo a T. Se estimó una media por parcela (PIRmp, CLRmp) y el IdS usando como sumandos a PIRmp y CLRmp, previamente ponderados según: 75-25%, 50-50% y 25-75%. Se obtuvieron nueve IdS a partir de la combinación de estas transformaciones: 1/PIRmp, 1/CLRmp y [-CLRmp]. Con el ANAVA se detectaron efectos ($\alpha=0,01$) de líneas y F₁ para PIR, CLR y los nueve IdS. Para cada IdS se calculó la regresión lineal (b_{F_1-pm}) del IdS de la F₁ sobre el IdS promedio parental. Todos los b_{F_1-pm} difirieron de cero ($\alpha=0,05$), salvo el de la ponderación (25xPIR)+(75x1/CLR). El b_{F_1-pm} máximo (1,31) fue para el IdS7 [(75x1/PIR)+(25xCLR)] que indicó la respuesta máxima de las F₁ respecto de sus padres. Ensayos adicionales permitirán cuantificar la IGA y otras ponderaciones del IdS. El uso del IdS7 provocaría el mayor progreso de la resistencia simultánea (PIR+CLR) por ciclo de selección.

MV 14

ENTRENAMIENTO DE UN ALGORITMO DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO PARA LA PRIORIZACIÓN DE GENES CANDIDATOS EN MAÍZ (*Zea mays* L.)

Prodan E.N.^{1,2}, A. Baricalla^{1,3,4}, M.L. Federico^{2,4}. ¹UNNOBA, Buenos Aires, Argentina; ²Lab. de Biotecnología, EEA-Pergamino, INTA, Buenos Aires, Argentina; ³CITNOBA, Buenos Aires, Argentina; ⁴CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: prodanevelyn@gmail.com

El mapeo de *loci* de caracteres cuantitativos (QTL) es uno de los métodos más utilizados para estudiar las bases genéticas detrás de fenotipos de interés agronómico. Cada QTL puede contener cientos de genes candidatos (GC) posicionales dificultando la identificación de genes causales mediante estudios funcionales. Afortunadamente, el avance de la inteligencia artificial permite implementar algoritmos de aprendizaje automático para priorizar los GC asociados a QTL. El presente trabajo tuvo como objetivo entrenar un algoritmo de aprendizaje automático, *QTG-Finder*, para la priorización de GC en maíz y evaluar su eficacia en QTL cuyos genes causales han sido determinados empíricamente. Para entrenar el algoritmo se compiló información de 39.756 genes utilizando la versión Zm-B73-REFERENCE-NAM-5.0 como genoma de referencia. Las características compiladas incluyeron la anotación funcional de los genes, presencia y efectos de polimorfismos, existencia de genes parálogos y causalidad. Se utilizaron dos sets de entrenamiento diferentes. El primer set incorporó información funcional de 111 genes de maíz con probado efecto en el fenotipo. El segundo set incorporó además información funcional proveniente de otras cuatro especies vegetales vía ortología, elevando el número de genes causales a 252. Si bien ambos modelos predictivos presentaron curvas de AUC-ROC promedio similares, el segundo modelo fue más eficaz durante el proceso de validación. Este modelo priorizó el gen causal conocido dentro del top 20% de GC en cinco de 10 QTL validados, mientras que el primero lo hizo en solo tres de 10 QTL.

MV 15

INTERACCIÓN GENOTIPO × AMBIENTE EN LÍNEAS DE MAÍZ EVALUADAS FRENTE A BACTERIOSIS EN LA REGIÓN SUR DE CÓRDOBA, ARGENTINA

Ruiz M.^{1,2}, E.A. Rossi^{1,2}, N.C. Bonamico^{1,2}, M.G. Balzarini^{3,4}.

¹Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina;

²INIAB (CONICET-UNRC), Córdoba, Argentina; ³Universidad

Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁴UFYMA (INTA-

CONICET), Córdoba, Argentina. E-mail: mruiz@ayv.unrc.edu.ar

La bacteriosis es una enfermedad emergente en el cultivo de maíz en Argentina. La expresión fenotípica de un genotipo está constituida por componentes genotípicos (G), ambientales (E) y de interacción GE. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la interacción GE en una población diversa de líneas endocriadas de maíz para identificar genotipos resistentes a *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*. Se establecieron cinco ensayos en el sur de Córdoba, Argentina, usando 200 genotipos de maíz provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo en bloques parcialmente repetidos. La severidad de enfermedad (SEV) se expresó como el promedio del valor asignado a cada planta en la parcela utilizando una escala de síntomas de cinco grados. La SEV se analizó mediante el modelo de regresión por sitio y los efectos de genotipo e interacción GE se visualizaron con un gráfico GGE biplot. El 5% de las líneas presentaron ataques bacterianos con SEV que no superó el 20% del máximo de la escala. Desde el GGE biplot se identificaron tres líneas resistentes a través de ambientes, las cuales podrían ser usadas en programas locales de mejoramiento genético de maíz para incrementar la resistencia a bacteriosis.

MV 16

IMPACTO DE LA SELECCIÓN DE MARCADORES EN LA PRECISIÓN DE LA PREDICCIÓN GENÓMICA PARA LA RESISTENCIA A LA ENFERMEDAD MAL DE RÍO CUARTO EN MAÍZ

Rossi E.A.^{1,2}, M. Ruiz^{1,2}, N. Bonamico^{1,2}, M. Balzarini^{3,4}.

¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-

UNRC), Córdoba, Argentina; ²Fac. Agronomía y Veterinaria,

Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina;

³Estadística y Biometría, Fac. Cs. Agropecuarias, Universidad

Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁴Unidad de

Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET-

INTA), Córdoba, Argentina. E-mail: erossi@ayv.unrc.edu.ar

La resistencia a la enfermedad viral Mal de Río Cuarto (MRC) en maíz es un carácter de herencia cuantitativa. Otros caracteres de herencia compleja han mostrado una respuesta positiva en la precisión de la predicción genómica cuando se realiza previamente selección de marcadores. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el impacto de la selección de marcadores en la precisión de la predicción genómica para la resistencia a MRC. Se realizó un estudio de mapeo por asociación (GWAS) para identificar SNPs asociados a regiones genómicas de resistencia a MRC en un panel diverso de 160 líneas de maíz. Los datos fenotípicos provinieron de cinco ambientes del área donde la enfermedad MRC es endémica. En cada ambiente se evaluaron todas las líneas con un diseño parcialmente repetido y se estimó el índice de severidad de la enfermedad (ISE). Luego se construyeron modelos de predicción genómica mediante la metodología GBLUP bajo diferentes escenarios respecto a la cantidad de marcadores incluidos en el modelo (78.376 SNPs, 10.000 o 100 SNPs seleccionados al azar y 37 SNPs seleccionados por GWAS). La precisión de la predicción genómica se estimó mediante un esquema de validación cruzada con 100 repeticiones, 80% de genotipos para la población de entrenamiento y 20% para la población de testeo. La precisión de la predicción fue de 0,28, 0,30 y 0,18 en los modelos con todos los SNPs, 10.000 y 100 SNPs, respectivamente. Mientras que en el modelo con los 37 SNPs seleccionados por GWAS, la precisión de la predicción fue de 0,75. Los resultados muestran que la selección de marcadores por GWAS, incrementó la precisión de la predicción genómica para identificar los genotipos con mayor mérito genético respecto al ISE de MRC.

MV 17**RESPUESTAS A ÍNDICES DE SELECCIÓN PARA RENDIMIENTO EN GRANO DE MAÍZ EMPLEANDO CARACTERES SECUNDARIOS ASOCIADOS A LA EFICIENCIA EN LA CAPTURA DE LUZ**

Troia P., L.G. Molins, M.L. Farace, E. Mroginski, R.T. Boca, G.H. Eyherabide. UNNOBA, Buenos Aires. Argentina. E-mail: ptroia@comunidad.unnoba.edu.ar

En la selección basada en índices pueden emplearse variables secundarias que podrían incrementar la respuesta. En este trabajo se compararon las respuestas esperables para rendimiento de grano (REND) en maíz utilizando rasgos productivos y asociados a la eficiencia en la captura de luz a un índice de Smith-Hazel, con la respuesta directa a la selección por REND. Se utilizaron datos morfo-fisiológicos de una colección de RILs (líneas recombinantes endocriadas) del cruzamiento entre dos líneas de maíz contrastantes para caracteres productivos y asociados a la captura de luz. Se estudió el patrón de correlaciones entre REND y estos caracteres como guía en la elección de tales caracteres. En el análisis de sendero, el número de granos por planta (NGP) fue el carácter que presentó el mayor efecto directo con REND. Los mayores efectos indirectos correspondieron a biomasa aérea (BIO), índice de cosecha (IC), radiación fotosintética activa incidente (PAR), longitud de entrenudos (LEN), longitud de hoja (LH), altura de planta (AP) e índice de área foliar (IAF). Los índices con los caracteres secundarios PAR y con LEN, aventajaron en un 103% y 61%, respectivamente, a la respuesta directa por REND. La mayor y menor coincidencia en los genotipos seleccionados tomando como referencia a la selección directa para REND ocurrió con los índices con LEN y PAR, respectivamente. Los resultados revelan la ventaja de mejorar la respuesta a la selección para REND empleando un índice clásico que incorpora ciertos caracteres secundarios asociados a la captura de luz.

MV 18**BASES MOLECULARES DE LA TOLERANCIA A BAJAS TEMPERATURAS DURANTE LA GERMINACIÓN EN UN POBLACIÓN F_{2:4} DE MAÍZ**

Mroginski E.^{1,2}, G.H. Eyherabide². ¹Mejoramiento de Maíz, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - EEA Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ²Escuela de Ciencias Agrarias Naturales y Ambientales, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mroginski.erika@inta.gov.ar

Con el fin de caracterizar la naturaleza genética de la tolerancia al frío durante la germinación del maíz en germoplasma argentino, se realizó un análisis de QTLs empleando una población segregante F_{2:4}. La misma fue desarrollada a partir del cruzamiento de las líneas endocriadas LP3830 y LP179 (tolerante y resistente al frío, respectivamente) y genotificada con 133 marcadores microsatélites dispersos en todos los cromosomas. Las familias F_{2:4} fueron sometidas a un tratamiento de incubación en frío, que consistió en la siembra a 8° C en oscuridad, aumentando la temperatura cada 7 días a 9° C, 10° C, 13° C y finalmente 14° C. Se evaluó: porcentaje de germinación a los 21 días (G21d), tiempo medio de germinación (IG), peso seco de la parte aérea y de las raíces (PSPA, PSR), longitud de la parte aérea (LPA), de la radícula (Lrad) y del sistema radicular por plántula (LR) al finalizar el experimento. El Mapeo de QTL por Intervalos Múltiples permitió identificar 7, 5, 6, 9, 6, 3 y 5 QTLs para G21d, IG, PSPA, PSR, LPA, Lrad y LR, respectivamente. El porcentaje de varianza fenotípica explicado por los QTLs individuales varió entre 1,1 y 29,2%. Se detectaron nueve interacciones entre QTLs que contribuyeron a explicar la variabilidad observada con un 0,5 y 4,9%. Algunas de las regiones detectadas coinciden con las reportadas en trabajos previos. Se destaca una región localizada en el cromosoma 10, cerca del marcador bnlg1451, no citada por la literatura. Estos datos aportan información valiosa sobre las regiones cromosómicas asociadas con la tolerancia a bajas temperaturas durante la germinación del maíz en germoplasma argentino.

MV 19

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS Y QUÍMICAS DE HÍBRIDOS DE MAÍZ (*Zea mays ssp. mays* L.) CON VALOR MEJORADO

Corcuera V.R.^{1,2,3}, S. Giménez², M.D. García^{3,4}. ¹Comisión de Investigaciones Científicas, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Buenos Aires, Argentina; ³IIPAAS FCA-UNLZ, Llavallol, Buenos Aires, Argentina; ⁴Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral, Esperanza, Santa Fe, Argentina. E-mail: vrcorcuera@gmail.com

El concepto de valor mejorado refiere a commodities con calidad diferencial del grano debida a características genéticas. Durante la campaña 2021/22 en Llavallol (Prov. de Bs. As.) se ensayaron treinta híbridos experimentales de maíz con alelos nulos de *o2*, *wx* y *ae*. El objetivo fue evaluar sus características agronómicas mediante descriptores recomendados por la UPOV. Aplicando el algoritmo UPGMA se realizó un análisis de conglomerados y con las distancias Euclídeas se determinó el grado de disimilitud entre genotipos. Se utilizó infrarrojo cercano para calcular % de proteína, almidón, aceite y densidad del grano entero. El % de lisina se estimó mediante espectrofotometría y el perfil de ácidos grasos de trece híbridos fue analizado mediante cromatografía gaseosa. Veinte híbridos resultaron precoces a floración femenina. La altura de planta fluctuó entre 170,3-203,2 cm; el número de hojas varió entre 11-14 y el diámetro de tallo entre 1,0-2,3 cm. Los híbridos tuvieron muy buena exersión de la panoja, ramificaciones primarias de porte erecto y anteras amarillas. El análisis de conglomerados evidenció que el tipo de grano, índice de prolificidad y tiempo térmico a R1 son los principales determinantes de la asociación. Catorce híbridos presentaron >6,0% aceite, pero tres se destacaron por tener un % $\geq 7,0$. Seis híbridos sintetizaron >12,0% proteína y el contenido medio de almidón fue 69,5 \pm 0,9%. Nueve híbridos fueron de alta calidad proteica por tener >2,7% lisina. Los aceites extraídos de los híbridos ensayados presentaron una relación entre ácidos grasos poliinsaturados y saturados mayor a 1 lo cual permite aseverar que su consumo resultaría beneficioso.

MV 20

HETEROSIS PARA PRODUCCIÓN DE FORRAJE EN UN HÍBRIDO PERENNE, F₁ *Zea perennis* (Hitchc.) Reeves & Mangelsd. X *Zea mays* L., DE MULTIPLICACIÓN AGÁMICA

Rimieri P.¹, C.I. Defacio². ¹Ex Investigador INTA, Asesor Científico; ²Ex INTA, Técnico agrónomo, Pergamino, Bs. As, Argentina. E-mail: primieri730@gmail.com

La F₁ de híbridos *Zea perennis* (*Zp*) n=20 x *Z. mays* (*Zm*) n=10 está descripta como perenne, de gran vigor, prolífica, con muchos tallos similares a *Zp*, más vigorosos y altos, con rizomas definidos y esterilidad por el comportamiento meiótico (5 mono-, 5 bi- y 5 trivalentes). La heterosis para producción de forraje, junto a la esterilidad, delimitaron a la F₁ para multiplicación agámica. En este trabajo se describe un nuevo híbrido F₁, genotipo Zpxm114, obtenido en 2014 en Pergamino, con germoplasma de *Zp* como ♀ y *Zm* macollador como ♂, evaluado como planta forrajera en Yacanto-San Javier (Córdoba) y Quines (San Luis), para determinar vigor, producción, adaptación, persistencia y manejo agronómico, en suelos con limitantes para *Zm* o uso agrícola. Macollos de Zpxm114 fueron implantados en 2018 y 2019 y evaluados en 2019/2021 (cuatro épocas de implantación, tres evaluaciones por año según fenología). Todas las plantas (cuatro épocas en nueve evaluaciones), se adaptaron y produjeron forraje y nuevos macollos (sin heladas severas) y requirieron régimen pluviométrico ≥ 550 mm o riego suplementario. La heterosis de Zpxm114 se observó en la producción de forraje en encañazón y floración, aun en condiciones limitantes. Produjo 4.450 \pm 1.340 kgMSha⁻¹ (promedio general) y 7.700 kg como rendimiento potencial. Acumuló azúcares (CHNE) en tallos estériles y fue fenológicamente de días cortos. El vigor híbrido se expresó también en el número de macollos y altura, con 22 macollos promedio, matas (rizomas definidos) de hasta 50 macollos y 2,25 m de altura, según suelos y agua disponible, con adaptación y persistencia.

MV 21

RESECUENCIACIÓN DE GENOMAS DE SORGO (*Sorghum bicolor* L.): POLIMORFISMOS Y SU IMPACTO FUNCIONAL EN LA ACUMULACIÓN DE AZÚCARES Y PRODUCCIÓN DE BIOMASA

Carrere Gómez M.¹, S. Chakrabarty², A. Baricalla^{1,3}, R. Snowdon², Federico, M.L.^{4,5}. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ²Plant Breeding Dept., Justus Liebig University, Giessen, Germany; ³Centro de Bioinvestigaciones (CeBio), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; ⁵Lab. Biotecnología, EEA Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina. E-mail: federico.marialaura@inta.gob.ar

Cientos de mapeos de loci de caracteres cuantitativos (QTL) han sido realizados en sorgo (*Sorghum bicolor* L.) con muy pocos genes causales identificados y validados. Este trabajo parte de un mapeo de QTL de alta resolución en una población de líneas recombinantes endocriadas (RILs) obtenidas cruzando un sorgo granífero (M71) con uno dulce (SS79), en el que se identificaron 38 QTLs asociados a la acumulación de azúcar y producción de biomasa y un total de 3.174 genes candidatos (GC) posicionales. A fin de identificar polimorfismos entre los genomas parentales de la población, se realizó una resecuenciación en un Illumina Novaseq 6000 (celda de flujo S4, 300 ciclos, PE150). Usando BTx623 v3.1 como genoma de referencia se identificaron SNPs e InDels utilizando SNIppy3.1, detectándose un total de 109.579 polimorfismos entre M71 y SS79 en los 38 QTLs. El impacto funcional de los polimorfismos sobre la función de los alelos parentales en los GC posicionales se evaluó utilizando SNPeff (151 GC con impacto alto, 754 moderado, 2.418 modificante y 701 bajo). De especial interés resultan aquellos alelos portadores de polimorfismos con impacto funcional alto que puedan explicar parte del contraste fenotípico observado entre los parentales. Por ejemplo, el gen *ma1* en M71 presenta una delección en el exón 1 que modifica el marco de lectura y trunca la proteína codificada. Este reconocido inhibidor de la floración colocaliza con un QTL de altura y producción de biomasa. Un análisis detallado de polimorfismos/ impactos nos permitió priorizar una lista de GC para futuras evaluaciones funcionales.

MV 22

ACUMULACIÓN DE PROLINA EN GENOTIPOS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp.) EN RESPUESTA A CONDICIONES DE ESTRÉS HÍDRICO

Mójica C.J.^{1,2}, E.G. Peiretti¹, N. Marcellino^{1,2}, A.L. Furlan^{2,3}, M.A. Ibañez^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ³Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: jmojica@ayv.unrc.edu.ar

La prolina es un aminoácido que se acumula en muchas especies vegetales y actúa como osmoprotector frente a condiciones de estrés biótico o abiótico. Este estudio tuvo por objeto caracterizar la acumulación de prolina en amaranto en respuesta al déficit hídrico. En un diseño simple al azar se evaluaron ocho genotipos de amaranto granífero desarrollados en la FAV-UNRC (tres cultivares y cinco líneas avanzadas), junto a un cultivar de sorgo y una maleza (*Amaranthus palmeri* S. Wats.), en carácter de testigos tolerantes a sequía, y a un híbrido de maíz, como testigo poco tolerante. El contenido de prolina se determinó tanto en hojas como en raíz, durante el período crítico de cada cultivo y bajo dos condiciones hídricas: capacidad de campo y estrés hídrico. El análisis mediante modelos lineales mixtos mostró interacción genotipo*condición hídrica*órganosignificativa ($p < 0,05$). Las medias ajustadas se analizaron mediante el biplot GGE. La mayor acumulación promedio de prolina se detectó en hojas de sorgo y de *A. palmeri*, seguidos por los tres cultivares y dos líneas avanzadas de amaranto. A nivel de raíces, la mayor cantidad de prolina se cuantificó en maíz, *A. palmeri* y una línea de amaranto. La variabilidad observada en la acumulación de prolina constituye, potencialmente, una valiosa herramienta para identificar genotipos tolerantes a sequía en un plan de mejoramiento genético de amaranto. Los genotipos que se destacaron en este estudio serán luego evaluados a campo en distintos ambientes para ajustar el análisis de la relación entre la acumulación de prolina y el comportamiento agronómico.

MV 23

COMPORTAMIENTO DE GENOTIPOS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp. L.) EN RESPUESTA AL ESTRÉS HÍDRICO

Peiretti E.G.¹, A. Nicola¹, C.J. Mójica^{1,2}, N. Marcellino¹, M.A. Ibañez^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: gpeiretti@ayv.unrc.edu.ar

El déficit hídrico reduce la producción de los cultivos, por lo tanto, la obtención de variedades tolerantes a sequía constituye una estrategia orientada a minimizar su impacto. Nuestro objetivo fue evaluar el comportamiento de diferentes genotipos de amaranto sometidos a estrés hídrico. Dos experimentos se realizaron bajo condiciones hídricas controladas durante el ciclo 2020/21, en DCA con arreglo factorial y seis repeticiones. Los factores fueron genotipo de amaranto (ocho genotipos de la FAV-UNRC) y condición hídrica (con y sin estrés en el período de floración). Se ajustó un modelo lineal mixto (MLM) con efectos fijos y variancias heterogéneas, se realizó la comparación de medias con la prueba DGC ($\alpha=0,05$) y el análisis de componentes principales (ACP). Las variables evaluadas fueron: altura de planta (AP), longitud de panoja (LP), diámetro de tallo (DT), peso seco de hoja (PH), de tallo (PT) y de panoja (PP), producción de grano (PG), peso de mil semillas (PMS), índice de fertilidad (IF) e índice de cosecha (IC). El MLM mostró interacción no significativa ($p>0,05$) entre genotipo y condición hídrica, diferencias significativas ($p\leq 0,05$) entre genotipos y entre condiciones hídricas. Las medias de AP, LP, IC, PT, PP y PG fueron significativamente afectadas en la condición de estrés, siendo PG la más influenciada. Dos líneas presentaron un desempeño agronómico consistente superior en la PG. El ACP permitió separar las dos condiciones hídricas y los genotipos en grupos contrastantes. Estos resultados permiten discriminar el comportamiento de los genotipos de amaranto ante condición de déficit hídrico.

MV 24

EFFECTO DEL ESTRÉS HÍDRICO SOBRE VARIABLES AGRONÓMICAS Y BIOQUÍMICAS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp.)

Ibañez M.A.^{1,2}, C.J. Mójica^{1,2}, N. Marcellino^{1,2}, A.L. Furlan^{1,3}, E.G. Peiretti¹. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ³Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: mibanez@ayv.unrc.edu.ar

El déficit hídrico es un fenómeno que puede afectar la fisiología, el desarrollo y la producción de los cultivos. El objetivo del trabajo fue evaluar el comportamiento de variables agronómicas y bioquímicas en genotipos de amaranto granífero (*Amaranthus* spp.) frente al estrés hídrico y determinar el grado de consenso entre los ordenamientos de genotipos de cada grupo de variables. Dos experiencias se realizaron durante el año 2020 bajo condiciones controladas en invernáculo. Las plantas fueron dispuestas en macetas según un diseño simple al azar. Se evaluaron ocho genotipos de amaranto desarrollados en la FAV-UNRC. Un total de cinco plantas por genotipo fueron sometidas a estrés hídrico al inicio del período crítico del cultivo, mientras que otras cinco se mantuvieron sin déficit durante todo su ciclo en carácter de testigos. Las variables agronómicas analizadas fueron: altura de planta (AP), longitud de panoja (LP), diámetro de tallo (DP), peso seco de panoja (PP), peso de grano (PG), índice de fertilidad (IF), peso de mil semillas (PMS). Las variables bioquímicas fueron: contenido de prolina en hoja y en raíz, al finalizar el período de estrés. Se realizó un análisis de componentes principales (ACP) y de procrustes generalizado (APG) de los resultados obtenidos. Entre las variables contenido de prolina y AP, PP, PG, PMS e IF se observó correlación negativa. El efecto del estrés hídrico sobre la producción de grano fue menor en tres de los genotipos. El APG mostró un 77% de consenso entre variables agronómicas y bioquímicas, indicando que los grupos de variables resultaron igualmente útiles en la diferenciación de genotipos.

MV 25

COMBINACIONES DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS: APTITUD DE DIFERENTES PROGENITORES

Plevich A.¹, L. Aguirre^{1,2}, M. Rovere², A. Lanzetti¹, M. Grossi Vanacore¹, H. di Santo^{1,2}, E. Castillo^{1,2}, E. Kaufman¹, A. Ferreira^{1,2}, V. Ferreira¹, E. Grassi^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, CONICET-UNRC, Córdoba, Argentina. E-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

Triticales (*X**Triticosecale* Wittmack) y tricepiros (*X**Triticosecale* Wittmack x *X**Agrotriticum* Ciferri & Giacom) son especies forrajeras de amplia adaptación que aportan forraje fresco o diferido y grano de buena calidad. El objetivo fue evaluar combinaciones de diferentes líneas de triticale y tricepiro y el aporte de cada progenitor en la cruce. Ochenta y nueve líneas F₈ provenientes de 21 cruzamientos realizados en la UN Río Cuarto fueron sembradas el 13/05/21 con diseño aumentado. Se evaluaron seis caracteres morfofisiológicos y de producción (unidad experimental=1 m²) mediante análisis de covariancia y prueba de diferencias de medias de Duncan ($p<0,05$), utilizando el número de plantas/m como covariable. Se encontraron diferencias significativas entre cruces para vigor inicial ($2,83\pm 0,51$; RV:1-4), aspecto forrajero ($3,64\pm 0,40$; RV:1-5), días a floración ($131,35\pm 4,97$ días) y altura a fin de ciclo ($100,57\pm 11,10$ cm), mientras que las diferencias fueron no significativas para el rendimiento en grano ($377,55\pm 136,02$ g/m²), a causa de una alta variabilidad en las líneas selectas dentro de cada cruzamiento. Los genotipos presentaron aptitudes diferenciales como progenitor femenino, destacándose GenúHA (+46,82 g) y Tizné (+36,40 g) por su aporte al rendimiento en grano. Por otro lado, para el mismo carácter, los genotipos C95/28 (+69,90 g), C92/130 (+18,32 g) y Cayú (+14,13 g) fueron las de mayor aptitud como progenitor masculino. Se pudieron identificar genotipos de buen comportamiento y aporte diferencial para distintos caracteres que se utilizarán en nuevas combinaciones híbridas.

MV 26

CARACTERIZACIÓN DE DISTINTAS POBLACIONES NATURALIZADAS DE TRÉBOL BLANCO (*Trifolium repens* L.) EN MEZCLA CON FESTUCA (*Festuca arundinacea* Shreb.)

Martínez E., L. Cascardo, F. Torres, R.A. Defacio, J. Lavandera. EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: martinez.emilce@inta.gob.ar

En los programas de mejoramiento de especies forrajeras es importante adoptar como criterio de selección la evaluación de la competencia en mezclas de especies como trébol blanco y festuca alta. El trébol presenta características morfológicas relacionadas al desarrollo del área foliar y asociadas con la capacidad de competir con festuca. El objetivo de este trabajo fue caracterizar morfológicamente distintas poblaciones de trébol blanco en mezcla con festuca. El trabajo se llevó a cabo en INTA Pergamino. Se evaluaron seis poblaciones naturalizadas de trébol blanco, conservadas en el Banco Activo de Germoplasma, y el cultivar comercial "El Lucero", cada uno de ellos en mezcla con festuca ecotipo continental cultivar "Luján INTA". El diseño experimental fue de BCA (n=3). En cada parcela se dispusieron a tresbolillo 12 plantas de trébol y 25 plantas de festuca. La distancia entre plantas de una misma especie fue de 20 cm y entre plantas de diferentes especies fue de 14 cm. Se midieron la altura de la planta (AL), longitud y ancho de la hoja trifoliada (LH y AH) para la especie trébol. Se realizó un ANOVA y la comparación de medias con DMS ($p<0,05$). En el análisis de varianza fue posible detectar diferencias significativas entre las poblaciones de trébol para las variables AH y LH, pero no para la variable AL. Se identificaron poblaciones de trébol con potencial para ser incluidas en un programa de mejoramiento que tenga como objetivo mejorar la competitividad de esta especie en mezcla con festuca.

MV 27

CARACTERES REPRODUCTIVOS EN MEDIOS HERMANOS DE *Festuca arundinacea* Schreb SELECTOS POR APTITUD FORRAJERA

Palermo J.¹, M.F. Grossi Vanacore¹, A. Ferreira^{1,2}, H. di Santo^{1,2}, D.J. Vega², M. Petenatti¹, M. González Levita¹, L. Aguirre^{1,2}, E. Castillo^{1,2}, E. Grassi^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC-CONICET, Córdoba, Argentina. E-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

Festuca arundinacea Schreb es una forrajera perenne, de importancia en sistemas ganaderos debido a su rendimiento en ambientes restrictivos. En Genética de la UN Río Cuarto se desarrolla un proyecto de mejoramiento de festuca a partir de poblaciones locales naturalizadas. En este marco, en familias de medios hermanos de 21 genotipos selectos previamente por aptitud forrajera se evaluaron caracteres reproductivos -número, largo y ramificaciones de panoja, largo de raquis, número de semilla por panoja y planta, peso de semilla por panoja y planta y peso de mil semillas- bajo dos tratamientos: con cortes simulando pastoreo y sin defoliación. Se realizó ANAVA y prueba de diferencia de medias DGC ($p < 0,05$). La variación de los caracteres reproductivos dentro de las familias de medios hermanos fue superior a la interpoblacional en un rango de 0 a 46%. Hubo diferencias significativas en el número de panojas ($13,78 \pm 1,83$ bajo corte y $60,97 \pm 4,05$ sin defoliación), peso de semilla por panoja ($0,054 \pm 0,038$ g bajo corte y $0,116 \pm 0,061$ g sin defoliación) y número de semilla por planta (643 ± 219 bajo corte y 4406 ± 607 sin defoliación). En número de panojas por planta se destacaron los genotipos 12 y 2, con medias de 9 y 8,78 panojas, respectivamente. El peso de semilla por panoja fue superior en los genotipos 1 (0,1 g) y 10 (0,17 g). El mayor número de semilla por planta lo presentaron los genotipos 12 (8022), 2 (7811) y 21 (6524). Los 11 genotipos cuyas progenies presentaron valores superiores fueron seleccionados para conformar nueve policruzas con combinaciones de genotipos para constituir variedades sintéticas.

MV 28

HEREDABILIDAD Y GANANCIA GENÉTICA DE POLICRUZAS DE FESTUCA ALTA NATURALIZADA EN EL CENTRO DE ARGENTINA

di Santo H.^{1,2}, D.J. Vega², M. González Levita¹, M.F. Grossi Vanacore¹, L. Aguirre^{1,2}, E. Castillo^{1,2}, E. Grassi^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC-CONICET, Córdoba, Argentina. E-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

Festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb) es una forrajera perenne alohexaploide ($2n=6x=42$), de crecimiento otoño-inverno-primaveral. Genotipos naturalizados de la zona central de Argentina fueron evaluados en ensayo comparativo de rendimiento durante tres años, seleccionándose 21 genotipos con aptitud para producción de forraje. Con el objetivo de seleccionar genotipos forrajeros y diseñar policruzas se implantó en 2017 un ensayo de medios hermanos donde se midieron caracteres vegetativos por planta en tres cortes durante dos ciclos de crecimiento (2017 y 2018): producción de biomasa seca (BS), altura (AP), diámetro de corona (DC), número de macollos (NM) y hojas (NH). Los caracteres se analizaron mediante ANAVA y test DGC de diferencia de medias. Hubo diferencias significativas entre familias en todos los caracteres. Once genotipos (plantas madre) se seleccionaron y se utilizaron en diferentes combinaciones para diseñar nueve policruzas. Se estimó la heredabilidad en sentido estricto (h^2) de cada carácter en el ensayo de medios hermanos y la ganancia genética (GG) de cada policruza. Los valores de h^2 oscilaron entre 0,02 y 0,44. El carácter AP presentó mayores valores de h^2 (0,38 en el 1° corte a 0,44 en el 3°), BS valores intermedios (0,28, 0,40 y 0,18 en el 1°, 2° y 3° corte, respectivamente) y los caracteres DC, NH y NM valores bajos de h^2 . Los mayores valores de ganancia en relación a la media del ensayo de medios hermanos 2018 fueron de los caracteres AP (de 1,23 a 8,98 %) y BS (de 0,27 a 10,65 %). La variabilidad fenotípica, los valores de h^2 y de GG encontrados resultan suficientes para lograr éxito en la selección de festuca alta.

MV 29

VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD DE GENOTIPOS DE FESTUCA ALTA LIBRES E INFECTADOS CON ENDÓFITO

Thomas J.I., L. Petigrosso, M.M Echeverría, O. Vignolio, G. Eyherabide, J. Lúquez. Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: thomasjuanignacio@gmail.com

Las predicciones del cambio climático global indican un aumento de la exposición de plantas a condiciones de estrés salino. Festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb., una forrajera fundamental de la Pampa Deprimida argentina, establece una asociación con el hongo endófito silvestre *Epichloë coenophiala* (Morgan-Jones & W. Gams). C.W. Bacon & Schardl (Leuchtmann et al., 2014) ex *Neotyphodium coenophialum* (Hill et al. 1990)). Esta simbiosis otorga tolerancia a estreses bióticos y abióticos a las plantas, pero provoca intoxicación en el ganado. El objetivo del estudio fue determinar la existencia de variabilidad para la tolerancia a la salinidad entre genotipos de festuca infectados y libres de endófito en la germinación de semillas y el crecimiento inicial de plántulas. Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones en el tiempo (tandas), con arreglo factorial. Los factores fueron: festuca alta, con cuatro niveles (población naturalizada libre, SE-, o infectada con endófito silvestre, SE+, y el cv. Taita libre o infectado con endófito seguro AR584) y condición salina, con tres niveles (0, 120 y 200 mM NaCl). En cada tanda, se sembraron 50 semillas de cada genotipo en rollos de papel humedecidos con agua y solución salina. Se determinó: energía germinativa (EG) y poder germinativo de las semillas, longitud de radícula y coleoptilo, peso fresco y seco de plántulas. Los genotipos SE- presentaron menor EG que el resto ($p < 0,05$) en 120 y 200 mM. La EG de SE+ aumentó 14% y 48% en 120 y 200 mM, respectivamente. No se detectaron diferencias en el cv. Taita. Futuros experimentos a campo en suelos con salinidad, permitirán corroborar la superioridad de los genotipos SE+ en la germinación.

MV 30

COMPORTAMIENTO DE RAIGRÁS ANUAL TETRAPLOIDE (*Lolium multiflorum* Lam.) CON Y SIN ENDÓFITO (*Epichloë occultans*) CRECIENDO EN CONDICIONES DE SEQUÍA

Sanchez R.¹, L. Da Silva², A. Ré³, M. Acuña^{1,4}. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ²Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; ³EEA INTA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina; ⁴EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: acuna.mariela@inta.gov.ar

El raigrás anual (*Lolium multiflorum* Lam.) diploide (2x) consigue cierta tolerancia a estreses abióticos, cuando se encuentra infectado con el hongo endófito *Epichloë occultans*. En la actualidad, el INTA dispone de una población de raigrás anual tetraploide (4x) infectada con este hongo habiendo limitadas evaluaciones en sequía. El objetivo fue evaluar la población tetraploide en condiciones de sequía, para comprobar su comportamiento en presencia del hongo endófito. Se estudió esta población (P10) sin endófito (P10-) y con endófito (P10+) en un DBCA con arreglo factorial (2x3), donde los tratamientos se basaron en tres niveles de sequía, definidos según valores de Period TC (Control 2400), T1 (2180), T2 (2110), captados por Sonda TDR 300. Se destinó una maceta para cada tratamiento y 10 plántulas por maceta. Se midió semanalmente el número de macollos (Mac1-Mac9), altura de planta (Alt2-Alt9), peso seco aéreo PMS1 a los 21 días, PMS2 y peso seco radicular (PMS3) a los 48 días. Se estimó el índice de tolerancia para cada PMS (IT1, IT2 e IT3), calculado como $X_i/X_c \times 100$, donde, X_i = PMS de cada plántula sometida a sequía, y X_c = media del PMS control. El análisis de componentes principales (ACP) mediante Infostat® logró explicar el 97% de la variabilidad presente. A través de la CP1 se observó que la P10+ sometida al T1 presentó un mejor comportamiento en cuanto a número de macollos (Mac1-Mac6), alturas (Alt5-Alt9), PMS1, PMS2, PMS3, IT1, IT2, e IT3. La P10+ sometida al T2 presentó un mayor número de macollos (Mac1-Mac6), pero este tratamiento fue muy extremo, es decir, las plántulas presentaron elevada mortalidad. La P10 presentó un buen comportamiento frente a una sequía intermedia en presencia del hongo endófito.

MV 31

TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN *Lolium multiflorum* Lam. DIPLOIDE Y TETRAPLOIDE

Ceaglio C.A¹, M.A. Maciel², A. Affinito¹, I. Vareca¹ y A.N. Andrés¹.

¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical IBS (CONICET-UNaM), Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: marialola.maciel@gmail.com

Lolium multiflorum Lam. es una forrajera anual valorada en Argentina por su gran aporte al sistema ganadero, tanto en ambientes de alta productividad como en ambientes restrictivos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la tolerancia a la salinidad en etapas vegetativas tempranas de dos grupos de materiales de *L. multiflorum*, uno diploide (2x) y otro tetraploide (4x). En hidroponía, cada grupo conformado por un cultivar comercial y cinco familias de medio-hermanos (FMH), fue expuesto a 0 (C), 100 (S1) y 200 mM (S2) de NaCl (trat) en un DBCA con tres repeticiones (30 plántulas/material/trat). A los 40 días de exposición, se estimó el Índice de Tolerancia a salinidad de cada material basado en el peso seco aéreo (PSA) (IT= PSA plántulas en sal/ PSA promedio en C) y se midió el contenido de iones en hoja (%Na; %K; %K/Na respecto del C). Se realizó ANAVA, prueba a posteriori LSD de comparación de medias y análisis de correlación de Pearson, mediante INFOSTAT. Los ANAVA revelaron diferencias significativas ($p < 0,05$) entre trat y entre grupos para todas las variables. En S1 y S2, el grupo 2x mostró mayor tolerancia (mayor IT), menor %Na, mayor %K y mayor %K/Na en hoja, que el grupo 4x. El IT mostró una correlación significativa y negativa con %Na y positiva con %K/Na, en ambos grupos. Dentro del grupo 2x, las FMH no se diferenciaron del cultivar en la tolerancia a la salinidad, mientras que dentro del grupo 4x se detectaron FMH con mayor tolerancia que el cultivar comercial. Estos resultados aportan información valiosa al programa de mejoramiento genético de la especie para ambientes marginales.

MV 32

LA SOBREENPRESIÓN DEL GEN *NHX1* PROMUEVE EL CRECIMIENTO DE BROTES Y LA CAPACIDAD DE REGENERACIÓN DE *Lotus tenuis* Waldst. & Kit. EN CONDICIONES DE SALINIDAD

Luna F.M.¹, F.D. Espasandin¹, A. Affinito², M. Álvarez¹, A. Díaz Paleo³, P. Sansberro¹. ¹IBONE-FCA, CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina; ²UNNOBA Pergamino, Bs. As, Argentina; ³INTA-EEA Pergamino, Bs As, Argentina. E-mail: fran.mart.lun@gmail.com

Una de las estrategias para evitar la toxicidad de las plantas en salinidad es por compartimentalización del Na⁺ en vacuolas mediante transportadores NHX, localizados en el tonoplasto. Éstos mantienen la homeostasis, disminuyendo la toxicidad celular y permitiendo el crecimiento de las plantas. Con el fin de evaluar la importancia del gen codificante de *NHX1* en la tolerancia a salinidad, se obtuvieron plantas de *Lotus tenuis* modificadas genéticamente con el vector *p35s:LotNHX1*, mediante el método indirecto de transformación. A los 90 días de cultivo, en el medio de regeneración/selección el 36% de explantes brindaron 3±1 yemas/explante, obteniéndose tres genotipos transformados (eficiencia de transformación 3,75%). Se seleccionó el genotipo N2249 y se comparó el crecimiento de brotes o capacidad de regeneración de folíolos con el salvaje, en medios de cultivo con 100mM NaCl. En el ensayo de crecimiento, a los 45 días, sobrevivió el 50% de brotes del genotipo salvaje, con una tasa de crecimiento relativo TCR= 0,1±0,07 mm/mm.día; en cambio en N2249 sobrevivió 76% de los brotes con TCR= 0,3±0,02 mm/mm.día. En cuanto a la capacidad de regeneración de folíolos se observó en ambos genotipos una regeneración cercana al 50% y que el número de yemas adventicias formadas por explante fue superior en N2249 respecto al salvaje (11±7 y 3,7±2, respectivamente). Los resultados muestran la funcionalidad del gen codificante de *NHX1* para atenuar los efectos deletéreos de la salinidad.

MV 33**VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD DE SEMILLAS DE MOSTAZA DE ETIOPIA (*Brassica carinata* L.)**

Ortiz N., L. Petigrosso, G. Eyherabide, J. Lúquez. Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: nazarenaortiz97@gmail.com

Debido a la importancia que podría cobrar la mostaza de Etiopía (ME) en Argentina por sus características de producto sustentable, y al posible incremento de superficie de suelos salinos a causa del cambio climático operante, resultan de interés los estudios conducentes a conocer en los genotipos su tolerancia a la salinidad (TS). El objetivo de este trabajo fue conocer la TS a NaCl de semillas de ocho cultivares de ME (seis para producción de semillas [híbridos Nuseed 400, HYB 063, HYB 068, HYB 087, Carinata y la variedad Avanza 641] y dos para cobertura [híbridos Sth100 y Nugreen 60]) en aras de expandir la frontera agrícola. Se probaron tres condiciones salinas: 0 (control), 120 mM y 200 mM NaCl. Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con dos repeticiones en el tiempo (tandas), con arreglo factorial. En cada tanda se sembraron 40 semillas de cada cultivar en rollos de papel humedecidos con agua o solución salina. Se determinó: energía germinativa (EG) y poder germinativo (PG) de las semillas, longitud de radícula (LR) e hipocótilo (LH), peso fresco (PF) y seco de plántulas. Los valores de todas las variables se redujeron con el incremento de la condición salina ($p < 0,05$). No hubo diferencias significativas entre 0 y 120 mM para PF, EG y PG, características en las que se destacaron todos los híbridos. Se detectó interacción genotipo por tratamiento para LR y LH, aunque en todas las condiciones salinas se destacaron los híbridos Sth100, Carinata, Nuseed 400 y HYB 068, resultados preliminares que coinciden con los hallados en ensayos con plantas jóvenes.

MV 34**HEREDABILIDADES Y GANANCIAS GENÉTICAS PARA INCREMENTAR LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN PLÁNTULAS DE *Panicum coloratum* L. var. *makarikariense* Goosens.**

Tomás M.A., L. Cardamone, M. Lifschitz, K. Grunberg. IDICAL (INTA-CONICET), Santa Fe, Argentina. E-mail: tomas.maria@inta.gob.ar

La salinización de los suelos y el desplazamiento de la ganadería a zonas menos productivas impulsan el desarrollo de cultivares forrajeros tolerantes a salinidad. *Panicum coloratum* L. var. *makarikariense* Goosens es una gramínea subtropical perenne introducida, con potencial para aumentar la oferta de forraje en zonas marginales. Los criterios para evaluar la tolerancia a la salinidad y discriminar genotipos promisorios son diversos. La distribución de la variabilidad genética en el germoplasma puede diferir según la unidad de selección elegida. El objetivo fue comparar heredabilidades (h^2) y ganancias genéticas según la selección se realice por individuo (SI) o por prueba de progenie (SPP), en variables de peso fresco o seco de plantas en salinidad, o como una medida de tolerancia referida a la condición control. En plántulas de *P. coloratum* crecidas en hidroponía, con y sin el agregado de NaCl (200 mM), se evaluaron la biomasa aérea y radical en fresco (PFA, PFR), en seco (PSA, PSR) y relativa al control (DPFA, DPF, DPFA, DPFR) luego de 35 días, en un DBCA, con 18 familias, dos bloques y cuatro plantas por bloque. Se estimaron h^2 por individuo y por familia y las ganancias genéticas si se aplicara una intensidad de selección de 30%. Los resultados mostraron que las h^2 y las ganancias fueron mayores en la SI que en la SPP para todas las variables. Las h^2 y ganancias fueron mayores cuando las variables se midieron en fresco y mayores para parte aérea que en raíz. Las ganancias relativas al control fueron menores al 10%. El mayor progreso genético en *P. coloratum* se obtuvo al seleccionar plantas individuales, creciendo en salinidad, en base a la biomasa aérea pesada en fresco de plantas.

MV 35**MODO REPRODUCTIVO DE HÍBRIDOS QUE ORIGINARON UNA POBLACIÓN SINTÉTICA TETRAPLOIDE SEXUAL DEL GRUPO PLICATULA DEL GÉNERO *Paspalum* L.**

Díaz L.D., F. Espinoza, P.E. Novo. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (FCA-UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: diazluccasandaniel96@gmail.com

El grupo Plicatula del género *Paspalum* cuenta con 30 especies, con citotipos 2x sexuales y tetraploides apomíticos (4xA). Si bien no se han encontrado tetraploides sexuales (4xS) en la naturaleza, en el IBONE existe una planta 4xS de origen experimental de *P. plicatum*. Esto permitió realizar cruzamientos entre 4xS × 4xA silvestres (*P. chaseanum* P., *P. compressifolium* S., *P. guenoarum* A., *P. lenticulare* K., *P. nicorae* P., *P. oteroi* S., *P. plicatum* M.), seleccionar híbridos sexuales y generar una población sintética 4xS. Nuestro objetivo fue corroborar si los híbridos que se usaron en el policruzamiento conservan su sexualidad. De los 50 híbridos utilizados, en 23 se corroboró el modo reproductivo por embriología y citometría de flujo en cariopses, analizando la relación del contenido de ADN del embrión y del endospermo (Em/En). Los cariopses originados a partir de un saco embrionario meiótico tendrán una relación Em/En 2C/3C; y los originados a partir de un saco embrionario apospórico serán 2C/5C. Se observaron por microscopio de contraste de interferencia diferencial (DIC), entre 101 y 290 ovarios de cada híbrido y por citometría 30 cariopses en bulks de dos o cinco. De los 23 híbridos analizados por DIC, siete mantuvieron la sexualidad y 16 presentaron sacos mixtos (meióticos + apospóricos). Cuando estos híbridos fueron analizados por citometría, 14 fueron sexuales con una relación Em/En 2C/3C; mientras que los nueve restantes resultaron ser apomíticos facultativos mostrando una relación Em/En 2C/3C + 2C/5C. Estos resultados indican que el modo reproductivo varía con el estado de desarrollo y que posiblemente los sacos embrionarios apospóricos no sean viables.

MV 36**ESTUDIOS REPRODUCTIVOS Y FENOTÍPICOS DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DEL GRUPO PLICATULA DEL GÉNERO *Paspalum* L.**

Villalba A.I., F. Espinoza, P.E. Novo. Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Corrientes, Argentina. E-mail: augusto.i.v@hotmail.com

El cultivar Cambá FCA es una forrajera, 4x apomítica, logrado por selección fenotípica a partir de semillas de *P. atratum* Swallen en la FCA-UNNE. Por otra parte, en el IBONE existe un genotipo autotetraploide sexual de *P. plicatum* Michx.; lo que permitió cruzarlo con el cultivar, obteniéndose 101 individuos. La F₁ fue caracterizada por marcadores RAPDs indicando que son híbridos. Los objetivos fueron caracterizar fenotípicamente a la F₁ y su modo reproductivo. Los caracteres fenotípicos medidos fueron: longitud de la inflorescencia, del racimo basal y apical; número de racimos; peso de mil semillas; longitud y ancho de la hoja inferior a la hoja bandera. En al menos cinco caracteres se observaron diferencias significativas respecto a los padres, principalmente a la madre. Además, visualmente, la F₁ difiere de la madre por características que tienen valores intermedios entre ambos parentales o se asemejan al padre, lo que confirma su origen híbrido. Para el modo reproductivo se realizó el clarificado de ovarios y citometría de flujo (n=24). En el análisis por clarificado, siete híbridos presentaron sacos embrionarios meióticos (SEM) indicando que son sexuales; 17 presentaron sacos mixtos: SEM+SEA (sacos embrionarios apospóricos) indicando que son apomíticos facultativos. Sin embargo por citometría, 18 híbridos fueron sexuales, con una relación de contenido de ADN embrión: endospermo (Em:En) de 2C:3C y seis fueron apomíticos facultativos con una relación Em:En de 2C:3C + 2C:5C. Esto indica que existe segregación para el modo reproductivo que varía de acuerdo a la etapa del ciclo reproductivo en que se analice.

MV 37

SEGREGACIÓN POR EL MODO DE REPRODUCCIÓN EN POBLACIONES DE *Paspalum notatum* Flüggé OBTENIDAS POR DOS MÉTODOS DIFERENTES DE SELECCIÓN

Marcón F., E.J. Martínez, C.A. Acuña. Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET, UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: fmarcon91@gmail.com

En *Paspalum notatum* Flüggé, se demostró que la selección fenotípica recurrente (SFR) y la selección recurrente basada en aptitud combinatoria (SRAC) son igual de eficientes en el mejoramiento del germoplasma sexual de la especie. Sin embargo, la eficiencia en la generación de híbridos apomícticos superiores en ambos esquemas de selección no ha sido evaluada. El objetivo fue evaluar la segregación por el modo de reproducción de dos poblaciones 4x de *P. notatum*, una obtenida mediante SFR y la otra por SRAC. Se obtuvieron los ADN genómicos de 288 híbridos en total (144 por cada esquema de selección) y se determinó el modo de reproducción de los mismos, mediante un marcador RAPD-UBC243-377 completamente ligado a la aposporia. A partir de la clasificación reproductiva en cada esquema de selección, se establecieron las proporciones entre individuos sexuales y apomícticos. Un total de 27 híbridos de SFR y 24 de SRAC amplificaron el marcador ligado a la aposporia, por lo que fueron clasificados como apomícticos. La segregación en SFR varió entre 11:1 y 1,4:1 sexuales: apomícticos, con un valor promedio de 4,3:1. La segregación en SRAC varió entre 24:0 y 7:1 sexuales: apomícticos, con un valor promedio de 5:1. No se observaron diferencias significativas entre la proporción de híbridos apomícticos obtenidos por ambos esquemas ($p=0,8$). La segregación por el modo de reproducción en *P. notatum* no está influenciada por el esquema de selección empleado

MV 38

COMPORTAMIENTO INVERNAL DE DOS POBLACIONES DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE *Setaria sphacelata* (Schumach.) Stapf & C.E. Hubb. ex M.B. Moss

McLean G.D.¹, K. Grunberg^{2,3}, C.A. Acuña⁴. ¹EEA Mercedes-INTA, Corrientes, Argentina; ²IFRGV- CIAP INTA, Córdoba, Argentina; ³UDEA INTA-CONICET, Córdoba, Argentina; ⁴Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: mclean.guillermo@inta.gob.ar

El incremento de la producción de forraje de *Setaria sphacelata* (*Setaria*) (Schumach.) Stapf & C.E. Hubb. ex M.B. Moss durante invierno puede tener un gran impacto en los sistemas ganaderos del nordeste argentino. El objetivo fue comparar el desempeño invernal de una población sin proceso de selección (PBA) y otra población producto de selección fenotípica por caracteres relacionados al desempeño invernal (PBE). En INTA Mercedes (Corrientes), se generaron la PBA (policruzamiento de 227 plantas representantes de 14 poblaciones y cuatro cultivares comerciales) y la PBE (policruzamiento de 40 individuos de las 227 destacados por rendimiento, tolerancia a heladas y crecimiento invernal). Se plantaron 600 individuos de PBA y 600 de PBE clonados en tres bloques en febrero de 2015. Se registró durante invierno: rebrote invernal -escala visual de 1 (poco o nulo crecimiento) a 5 (elevado crecimiento)- y el 15/09 se midió diámetro de mata y altura (cm), materia seca acumulada (MS g planta⁻¹). Para el análisis de los datos se utilizó INFOSTAT (2016) con modelo generalizado mixto, distribución Gamma en altura y MS y Normal en rebrote y diámetro, y se realizó comparación de medias con el test LSD (Fisher) al 5%. PBE fue significativamente superior a PBA con medias de 27,0 g planta⁻¹, 28,5 cm de altura, 17,4 cm de diámetro y 3,3 del índice de rebrote contra los 20,7 g planta⁻¹, 23,9 cm, 16,2 cm y 3,1, respectivamente, de PBA. Estos valores demuestran el incremento del comportamiento invernal de *Setaria* obtenida a través de la selección fenotípica. La variabilidad contenida en el germoplasma disponible de *S. sphacelata* es adecuada para mejorar el crecimiento invernal de la especie.

MV 39

EVALUACIÓN DE GENOTIPOS DE CAÑA DE AZÚCAR EN EL NOROESTE DE ARGENTINA

Vega D.J, F. Yañez Cornejo, M.L. Nanni, C. Easdale, R. Lema, G. Serino. Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, Salta, Argentina. E-mail: jvega@ayv.unrc.edu.ar

El cultivo de caña de azúcar involucra la producción de azúcar, etanol, papel y electricidad y juega un rol importante en las actividades económicas y sociales del noroeste del país. La Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, desde 1951, lleva adelante un programa de mejora de caña de azúcar con el objetivo de encontrar nuevos genotipos con alto rendimiento y adaptados a los ambientes de las provincias de Salta y Jujuy. Para dicho fin, en el año 2018 se implantaron 24 genotipos en seis ambientes de tres localidades diferentes con un DBCA con tres repeticiones. Cultivares comerciales fueron utilizados como testigos. Los genotipos fueron evaluados en edad planta, soca 1 y soca 2. En septiembre de cada año se realizó la cosecha para registrar las toneladas de caña producidas por hectárea (TCH). Las toneladas de azúcar por hectárea (TAH) se obtuvieron a partir del promedio del porcentaje de azúcar en mayo, julio y septiembre, multiplicado por las TCH. ANAVA, pruebas de diferencia de medias y análisis de interacción genotipo-ambiente (IGA) fueron realizados. El TCH promedio fue de 83,3±16,9, 96,1±21,8 y 85,2±18,4 para edad planta, soca 1 y 2, respectivamente. El promedio de TAH fue de 9,8±2,4, 12,4±3,5 y 10,8±2,6, respectivamente para edad planta, soca 1 y 2. Los genotipos presentaron diferencias significativas entre ellos en TCH y TAH. La presencia de IGA permitió encontrar clones con adaptación específica en cada localidad. El genotipo NA-12-166 logró una amplia adaptación a través de los ambientes ya que superó al resto de genotipos y cultivares evaluados en dos localidades.

MV 40

SELECCIÓN GENÓMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE INTERÉS EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA CAÑA DE AZÚCAR

Racedo J.¹, E.A. Rossi², M. Aybar Guchea³, A.N. Peña Malavera¹, C. Bruno^{4,5}, M.F. Perera¹, A.S. Noguera¹, N. Bonamico², M. Balzarini^{4,5}, S. Ostengo^{1,3}. ¹Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT CONICET NOA sur, Tucumán, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ³Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; ⁴Unidad De Fitopatología y Modelización Agrícola, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UFYMA INTA-CONICET), CCT CONICET Córdoba, Argentina; ⁵Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. E-mail: joracedo@gmail.com

El mejoramiento genético de la caña de azúcar (*Saccharum L. spp.*) es complejo y lento. La obtención de una nueva variedad requiere entre 10 y 15 años de trabajo intensivo. Esto se debe a la complejidad genética del cultivo y a la fuerte influencia ambiental sobre los caracteres de interés, en su mayoría cuantitativos. Una herramienta útil para aumentar la tasa de ganancia genética consiste en integrar información fenotípica y genómica en procedimientos de Selección Genómica (SG), y predecir el valor de mejora estimado desde datos genómicos para cada genotipo (*Genomic Estimated Breeding Value*, GEBV). Se evaluaron distintos modelos de SG entrenados sobre una población de 182 clones del banco de germoplasma de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres. Los individuos fueron fenotipificadas para número de tallos, polarización (pol %), contenido de fibra y azúcar recuperable, durante tres edades de corte, en una localidad del área de influencia del programa. La información molecular se obtuvo por secuenciación de alto caudal DArTseq. Se ajustaron modelos de SG con los métodos Ridge Regression, Bayes A, Bayes B y Bayes C. La eficiencia se evaluó para cada carácter mediante la correlación entre los valores GEBVs estimados por cada modelo y los BLUPs del efecto genotípico. Las correlaciones fueron obtenidas mediante validación cruzada. Si bien se observaron diferencias entre las capacidades predictivas de distintos modelos, la eficiencia de la SG dependió mayormente de la característica en estudio, siendo más alta ($r=0,40$) para el modelo de SG estimado por el método Bayes B para el carácter pol(%). La disponibilidad de un modelo de SG con alta capacidad predictiva permitirá predecir el mérito genético de nuevos materiales y llevar a cabo la selección de individuos en base a datos genotípicos.

MV 41

EFICIENCIA DE LA SELECCIÓN GENÓMICA PARA MADURACIÓN TEMPRANA EN UNA POBLACIÓN DE MEJORAMIENTO DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum L. spp.*)

S. Ostengo^{1,2}, Racedo J., M.G. Balzarini³. ¹Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT NOA Sur, Tucumán, Argentina; ²Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; ³Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UFYMA INTA-CONICET), CCT CONICET Córdoba, Argentina, Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. E-mail: joracedo@gmail.com

La selección genómica (SG) permite predecir el valor genético de los individuos mediante el uso simultáneo de marcadores moleculares generados a lo largo del genoma. La predicción del valor genético a partir de datos genómicos (GEBV) resulta de aplicar un modelo estadístico entrenado a partir de información molecular y valores fenotípicos para un rasgo de interés. El objetivo de este trabajo fue analizar la eficiencia de la SG en una población de mejora de caña de azúcar (*Saccharum L. spp.*) compuesta por 88 individuos evaluados para maduración temprana, a partir de determinaciones del contenido temprano de sacarosa (%), en cuatro edades de corte, en dos localidades. La población fue genotipificada con 1.863 marcadores DArT dominantes. Se ajustaron los modelos de SG Bayes B, Bayesian Ridge Regression y Bayesian LASSO Regression. La eficiencia de la SG se evaluó mediante la correlación entre los valores de GEBVs y los BLUPs del efecto genotípico obtenidos de los datos fenotípicos. Se usó un proceso de validación cruzada, usando porcentajes variables de número de individuos en la población de entrenamiento y de prueba para obtener predicciones de GEBVs, que se repitieron 500 veces. Los resultados muestran que todos los modelos explicaron una alta proporción de la variabilidad del mérito genético, aunque la eficiencia del SG fue baja (entre $r=0,20$ y $r=0,25$). Esto podría asociarse al escaso tamaño de la población de mejora y a la baja variabilidad genética del carácter maduración temprana en la población analizada. La implementación de los mismos modelos de SG en paneles de mayor tamaño y diversidad de genotipos podría arrojar mejores resultados.

MV 42

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL EN CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum L. spp.*)

Perera M.F.¹, S. Ostengo¹, S.N. Ovejero¹, A.N. Peña Malavera¹, T. Balsalobre², G. Onorato³, A.S. Noguera¹, H. Hoffman^{2,3}, M. Sampaio Carneiro^{2,3}. ¹Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Las Talitas, Tucumán, Argentina; ²Departamento de Biotecnología e Produção Vegetal e Animal, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de São Carlos, Araras, São Paulo, Brazil; ³Programa de Mejoramiento Genético de Caña de Azúcar de RIDESA/UFSCar, Araras, São Paulo, Brazil. E-mail: franciscaperera@yahoo.com.ar

En el mejoramiento genético de caña de azúcar, *Saccharum L. spp.*, es posible obtener genotipos de mayor productividad de azúcar, biomasa y resistentes a enfermedades, a través del manejo adecuado de los bancos de germoplasma. Por ello, a fin de conocer la diversidad genética, la estructura poblacional y analizar la posibilidad de intercambiar materiales, se evaluaron 103 genotipos (variedades comerciales y progenitores) de los programas de mejoramiento de UFSCAR/RIDESA y EEAOC en Brasil y Argentina, utilizando marcadores TRAP anclados en genes del metabolismo de sacarosa y lignina, y marcadores asociados a la resistencia a roya marrón (Bru1) y naranja (G1). La estructura genética se determinó a través de los análisis de similitud genética, de la varianza molecular (AMOVA), de coordenadas principales (ACoP) y un método bayesiano. El análisis de similitud genética, el ACoP y el análisis de estructura revelaron que los genotipos se conglomeran en dos grupos, claramente diferenciados de acuerdo a su origen, mientras que el AMOVA sugirió que existe más variabilidad dentro de los programas que entre ellos. En relación al marcador Bru1, los genotipos brasileños y argentinos mostraron una alta y una baja frecuencia de presencia del gen, respectivamente. Respecto al marcador G1, la mayoría de los genotipos presentaron la presencia del fragmento, en una proporción similar entre ambos programas. Los resultados revelan que el intercambio de materiales entre ambos programas permitiría ampliar la base genética de sus bancos de germoplasma, incorporando nuevos alelos.

MV 43

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA PRELIMINAR DE POBLACIONES DE *Oxalis articulata* Savigny DEL SUDESTE BONAERENSE (ARGENTINA)

Russo N.¹, M.L. Echeverría¹, A. Digilio², A. López Méndez³.
¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; ²EEA Balcarce, INTA, Buenos Aires, Argentina; ³CONICET CCT Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: alicialopez@mdp.edu.ar

Oxalis articulata Savigny es una especie nativa con potencial ornamental. Con el objetivo de caracterizar poblaciones en atributos que permitan la selección de genotipos para el mercado floricultor se seleccionaron cuatro poblaciones de áreas serranas y costeras del SE bonaerense, denominadas VG, MdP, 5C y VaB. Bajo un DCA se sembraron 21 genotipos por población. Durante cinco meses se registraron los caracteres: altura y silueta de la planta, pubescencia, cantidad de hojas e inflorescencias. Las variables se analizaron mediante ANOVA con medidas repetidas en el tiempo y cuando se detectó interacción, se hizo una comparación de medias por fecha mediante test de Tukey ($\alpha=0,05$). Se detectó interacción significativa entre fecha y población. En todas las fechas, VaB y MdP difirieron significativamente entre sí exhibiendo, respectivamente, los menores y mayores registros medios de altura de planta (5,5 cm vs. 10,9 cm). En la última fecha difirió significativamente VaB del resto con la menor cantidad de hojas (18,4±7 hojas) mientras que MdP se diferenció en cantidad de inflorescencias, presentando los mayores valores (Min=2; Mo=14; Máx=45). Los genotipos presentaron siluetas y grado de pubescencia variable en cada población, con excepción de MdP donde todos los genotipos fueron glabros. La variabilidad morfológica inter- e intra-poblacional detectada podría utilizarse para obtener genotipos de interés comercial. Este proyecto forma parte de uno mayor donde se están evaluando las poblaciones en estos y otros caracteres de valor ornamental.

MV 44

VARIABILIDAD GENÉTICA OBSERVADA EN GENOTIPOS DE *Solanum tuberosum* ssp. *andigena* Hawkes EN LA PROVINCIA DE CATAMARCA

Contrera G.E.¹, H.M. Atencio², E. Cointry³, L.A. Picardi⁴. Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Catamarca, Catamarca, Argentina; ²UIB (Unidad Integrada: EEA Balcarce, INTA- FCA-UNMDP), Buenos Aires, Argentina; ³FCA, UNR, Santa Fe, Argentina; ⁴FCA-CIUNR-UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: gcontrera@agrarias.unca.edu.ar

La papa presenta un *pool* genético secundario muy grande compuesto por especies silvestres emparentadas. Se distribuyen a lo largo del continente americano y en Argentina se cultiva la papa andina en Jujuy, Salta y Catamarca. Se estudiaron nueve genotipos de papa andina, *Solanum tuberosum* ssp. *andigena* Hawkes, que se encuentran en Catamarca: Bolinca Alargada, Bolinca Redonda, Collareja, Cotagua Morada, Cotagua Rosada, Malgacha, Morada, Ojos de Princesa y Tuni. Estas variedades fueron sembradas en dos ambientes, Las Piedras Blancas y La Calera, en tres años, y evaluadas por caracteres cualitativos y cuantitativos relacionados a rendimiento. Para evaluar diferencias genotípicas entre estas variedades se realizó un análisis de microsatélites (SSR) observando así las amplificaciones de los genotipos. Se cuantificó el número de bandas totales, número de bandas monomórficas y polimórficas y se calculó el Contenido de Información Polimórfica (PIC). El análisis permitió determinar la presencia de 30 bandas, las bandas monomórficas representan el 13,33% y las bandas polimórficas el 86,67%. El valor del PIC fluctuó entre 0,18 y 0,37. La matriz de distancias mostró que las variedades más cercanas son Morada y Cotagua Morada (0,30), seguidas por el segundo grupo, Malgacha y Collareja (0,32); el tercer grupo integrado por Tuni y Bolinca Redonda (0,44); y por último, el cuarto grupo conformado por Cotagua Rosada y Bolinca Alargada (0,43); las variedades más alejadas fueron Tuni y Ojos de Princesa (80,72). Estos resultados evidencian la presencia de variabilidad genética para continuar con un programa de mejora considerando en conjunto caracteres de rendimiento ya evaluados.

MV 45

CONTRASTING BEHAVIOR OF TWO ELITE POTATO CULTIVARS TO DROUGHT TOLERANCE IN SOUTHEAST ARGENTINE

Tagliotti M.^{1,2}, S. Giuliano³, M. Puricelli¹, M.C. Bedogni^{1,3}. ¹EEA Balcarce – INTA, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET, Buenos Aires, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias (UNMdP), Balcarce, Buenos Aires, Argentina. E-mail: tagliotti.martin@inta.gob.ar

In arid and semi-arid areas, the water deficit is the main limiting factor for crop production. Potato is a drought-susceptible crop. Adapted drought-tolerant potato cultivars could confer significant yield increments. The goal was to evaluate the drought tolerance of two elite potato (*Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum* L.) cultivars. Newen INTA and Spunta potato cultivars were grown under contrasting water regimes. Under drought treatment, the marketable tuber yield was decreased by 53% in Spunta and 22% in Newen INTA. In both cultivars under drought treatment, the marketable tuber number was decreased by 32%. The yield of tuber larger than 90 mm was decreased only in Spunta (62.81%, $p < 0.05$). The tuber dry matter was not modified by the drought treatment ($p > 0.05$). Newen INTA showed more reduction in the above-ground and root biomass under treatment. The root-to-shoot ratio was higher in Newen INTA. The proline content was increased 61% in both cultivars under drought treatment. Drought tolerance indices (GMP and DTI) were higher in Newen INTA. The drought susceptibility index was higher in Spunta. The proline content was negatively correlated with the root dry biomass and marketable tuber number. The root dry biomass was positively correlated with the marketable tuber yield and marketable tuber number. Under field conditions, Newen INTA showed an enhanced drought tolerance to moderate drought. Therefore, Newen INTA represents an opportunity to improve crop production in semiarid areas.

MV 46

UTILIZACIÓN DE FOSFITO COMO AGENTE DE SELECCIÓN EN ENSAYOS DE TRANSFORMACIÓN DE PAPA CON *Agrobacterium tumefaciens*

Arizmendi A., C.A. Décima Oneto, S.E. Feingold, G.A. Massa. IPADS Balcarce INTA-CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: arizmendi.ailin@inta.gob.ar

La transformación genética de plantas es una herramienta biotecnológica de alto impacto en el mejoramiento de los cultivos. Un ensayo de transformación genética exitoso necesita un protocolo de selección robusto para diferenciar las células transformadas de las que no lo son. A su vez, la utilización de agentes de selección novedosos, que eviten generar resistencia a antibióticos y/o herbicidas, podría mejorar la percepción de los consumidores a los transgénicos. La papa es el tercer cultivo de importancia alimenticia a nivel mundial. Particularmente, el cultivar Spunta es el más utilizado en Argentina para consumo fresco. Actualmente la estrategia de transformación más utilizada en papa es la mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. Las plantas no pueden metabolizar fosfito (Phi), ya que carecen de las enzimas necesarias para oxidarlo a fosfato, y adicionalmente genera efectos fitotóxicos. Proponemos desarrollar un protocolo de selección *in vitro* para papa mediante el uso de un marcador de selección basado en el gen *ptxD*, derivado de *Pseudomonas stutzeri* WM88, que confiere la capacidad de convertir Phi en ortofosfato. Se elaboró una curva de análisis de concentraciones de KH_2PO_3 con plantas sin transformar para establecer la concentración óptima como agente selectivo en papa. Se seleccionó la concentración de 17 mM de KH_2PO_3 la cual presentó diferencias significativas en las variables morfológicas medidas. El próximo paso implica transformar explantes de papa cv. Spunta mediante *A. tumefaciens* y evaluar la eficacia de la concentración de Phi elegida como agente de selección.

MV 47

ANÁLISIS DE EFECTOS DE INTROGRESIONES DE *Solanum habrochaites* S. Knapp & D. M. Spooner SOBRE LA VIDA EN ESTANTERÍA Y EL PESO DEL FRUTO DE TOMATE

Brogliá V.G., G.B. Caruso, G.R. Rodríguez. Facultad de Ciencias Naturales, CIUNSA, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina. E-mail: viviana.brogliá@gmail.com

La estrategia de introgresión deliberada de germoplasma silvestre como fuente de variabilidad es útil en programas de mejoramiento genético de tomate, *Solanum lycopersicum* L. Productores del NOA demandan líneas de tomate adaptadas a la zona, con larga vida en estantería y que conserven atributos de calidad. El Programa de Mejora de Tomate de la UNSa generó líneas de introgresión. El objetivo del trabajo fue analizar modos de herencia e identificar regiones genómicas asociadas a la vida en estantería (VE) y otros caracteres de calidad. Se estudió una población F_2 (N=191) derivada del cruzamiento entre FCN93-6-2 (línea de premejora con introgresiones de *Solanum habrochaites*) con frutos larga vida en estantería y pequeños, y LC138 (*S. lycopersicum*) con mayor tamaño de fruto. En invernadero se evaluó VE y peso de fruto (Pf). Para el mapeo de QTL se utilizaron cuatro marcadores SSR que indican introgresión silvestre en FCN93-6-2 y resultaron polimórficos entre las líneas parentales (uno en el cromosoma 5 y tres en el cromosoma 11). Se evidenció segregación transgresiva respecto a FCN93-6-2 para VE. La heredabilidad en sentido amplio de VE fue 0,61 y de Pf fue 0,32. Se detectó correlación positiva entre ambos caracteres ($r=0,43$, $p=0,001$). Se identificaron tres QTL para VE que en conjunto explicaron un 45% de la variación fenotípica total. No se detectaron QTL para Pf. Se demostró que los genes silvestres y sus interacciones con el genomio del tomate cultivado son valiosos para los procesos de mejora, permitiendo un aporte al conocimiento de las bases genéticas de estos caracteres de calidad en tomate.

MV 48

CARACTERIZACIÓN Y SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE ACELGA, (*Beta vulgaris* L. var. *cicla* L.)

Pantuso F., M. Reche, N. Levacov, B. Ibáñez, A. Rivera, V. Piccardo, D. Bianchi. Escuela de Agronomía Universidad del Salvador, Universidad Nacional de Luján, San Luis, Argentina. E-mail: fpantuso@gmail.com

La acelga es una de las principales hortalizas de hoja; a nivel nacional se produce en casi todas las provincias, concentrándose su cultivo en los cinturones verdes de las principales ciudades. Se caracteriza por su corto periodo vegetativo, pudiéndose cultivar durante todo el año. El objetivo del presente trabajo fue la caracterización y selección de genotipos de acelga. El material vegetal evaluado corresponde a siete genotipos cedidos por productores de la provincia de Buenos Aires. El ensayo se realizó en el campo experimental de la Universidad de Luján, empleándose un diseño en bloques completos aleatorizados con parcelas de 5,5 m² con cuatro repeticiones. Se sembró en bandejas en julio de 2020 y se trasplantó en agosto al campo. Se midieron seis caracteres de producción: cantidad de hojas, ancho de hoja, largo de hoja, largo de lámina, largo de penca y días a floración. Se realizó un análisis de varianza y posteriormente el test de comparación de medias de Tuckey. Los resultados mostraron diferencias estadísticamente significativas ($\alpha < 0,05$) en ancho y largo de lámina y días a floración. No se observaron diferencias significativas para los caracteres cantidad de hojas, largo total de hoja y largo de penca. La prueba de diferencias de medias indicó que los genotipos Novielo y Veronsa se diferenciaron por sus características productivas y resistencia a la floración temprana, los cuáles serán utilizados en el programa de mejoramiento genético.

MV 49

MEJORAMIENTO DE PORTAINJERTOS CLONALES DE KIWI: EVALUACIÓN DE LA AFINIDAD PORTAINJERTO-VARIEDAD INJERTADA

Marcellán O.N.¹, C. Godoy¹, F. Cardinali², M. Thevenon².

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: omarcellan@mdp.edu.ar

Baby kiwi (*Actinidia arguta* Siebold and Zucc.) Planch. ex Miq.) es vulnerable al estrés hídrico debido a un pobre desarrollo radical. Una alternativa para solucionar este problema es usar portainjertos más vigorosos que su propio sistema radical. En la primera etapa de un programa de mejoramiento de portainjertos se generaron híbridos entre *A. arguta* y *A. deliciosa* (A. Chev.) Liang and Ferguson que fueron seleccionados *per se* por desarrollo radical. La segunda etapa comprende la evaluación de la afinidad portainjerto-variedad injertada, definida como la unión exitosa entre ambas partes que permite una reconexión del sistema vascular. Con el objetivo de evaluar a corto plazo la afinidad del cv. Issai de baby kiwi (V) injertado sobre diferentes genotipos híbridos (portainjertos, P), los híbridos se clonaron usando la técnica de esquejes uninodales y posteriormente se realizó la injertación de cuña simple. Bajo un DCA con cinco repeticiones, a los 40 y 180 días después de la injertación (DDI) se analizó el % de supervivencia a través de una Prueba de Chi-Cuadrado y el crecimiento del brote a través de un ANOVA. Además, se examinó la zona de unión P-V a los 180 DDI a través de cortes histológicos. Se observó que la afinidad de V varió según el genotipo híbrido y este efecto fue mayor a los 180 DDI. Las combinaciones P-V más exitosas generaron plantas injertadas que presentaron 60% de supervivencia, brotes de 15 cm de longitud con 11 hojas desarrolladas y en las zonas de unión P-V se observaron reconexiones vasculares con formación de xilema y floema secundarios. Estos genotipos híbridos seleccionados por su mayor afinidad con el cv. Issai deberán continuar con las evaluaciones a mediano y largo plazo.

MV 50

ESTIMACIÓN EX SITU DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE RASGOS FENOTÍPICOS EN *Prosopis alba* Griseb.: HEREDABILIDAD Y DIFERENCIACIÓN ENTRE PROCEDENCIAS

Vega M.V., B. Saidman, J.C. Vilardi. Universidad Nacional de Formosa, Formosa, Argentina. E-mail: mavivega@yahoo.es

Los algarrobos desempeñan un papel importante en la recuperación de los ecosistemas degradados, sin embargo, su uso foresto-industrial intensivo produjo una elevada disminución del número de individuos de alta calidad. El objetivo fue estimar heredabilidad y determinar la magnitud de variación entre y dentro procedencias. Se evaluó en condiciones experimentales la variación de rasgos foliares y parámetros germinativos entre ocho procedencias de *Prosopis alba* Griseb. de las provincias de Chaco y Formosa. Se estimaron parámetros genéticos y posibles asociaciones entre variables fenotípicas y factores ambientales. Las diferencias entre procedencias fueron altamente significativas para todos los rasgos. La autocorrelación espacial para la longitud de foliolulos se reduce entre los 75 y 80 km, mientras que para cinco rasgos (ancho de foliolulos, número de semillas/vaina, pares de foliolulos/pinnas, poder germinativo y tiempo medio de la germinación) el parecido fenotípico se reduce a los 40 km. El análisis por el método de árboles de regresión indicó que cada rasgo fenotípico se asociaba significativamente con al menos una variable ambiental. La determinación genética de los rasgos analizados (h^2) fue muy alta (1,6354) por lo que la velocidad de desarrollo podría responder a la selección de parentales entre procedencias y entre familias dentro de cada procedencia. Los resultados alcanzados sugieren que mediante un programa de mejoramiento por selección parental se podrán obtener semillas de mayor calidad genética. Se obtuvieron además ecuaciones para estimar área foliar y biomasa de hojas y ramas, a partir de la altura y el diámetro del cuello de la plántula.

MV 51

ORGANOGENESIS *IN VITRO* EN MATERIAL SELECTO DE *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden

Ayala P.G.¹, V.L Vivas¹, P.A Sansberro^{2,3}, L. Harrand¹, G.J. Oberschelp¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Concordia, Entre Ríos, Argentina; ²Laboratorio de Biotecnología Aplicada y Genómica Funcional, Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET), Corrientes, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: ayala.paula@inta.gob.ar

Existe una gran demanda de clones de eucalipto tolerantes al estrés biótico y abiótico. La aplicación de técnicas de ingeniería genética sobre clones de reconocido desempeño a campo reduciría los plazos del mejoramiento clásico para generar nuevos materiales genéticos. Para ello, es indispensable un protocolo de regeneración *in vitro* eficaz y eficiente, siendo un factor limitante en eucalipto debido a su recalcitrancia. Por ello, se propuso evaluar los efectos e interacciones de diferentes reguladores de crecimiento, tipos de explantes y condiciones de luz, sobre la regeneración *in vitro* de yemas adventicias de eucalipto. Se evaluó el efecto de la adición de Thidiazuron, Dicamba, Picloram y Ácido indol-3-butírico, sobre la neoformación de yemas adventicias en medio MS semisólido, bajo condiciones de oscuridad (los primeros 10 días) o de iluminación ($34 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$). Por cada tratamiento se cultivaron tres repeticiones con 10 segmentos de entrenudos y 10 segmentos nodales del clon EG-INTA-1. Transcurridos 30 días de incubación, los mejores resultados se obtuvieron a partir de segmentos nodales, $0,10 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ de Ácido indol-3-butírico, $0,025 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ de Thidiazuron e inducción en oscuridad, con una tasa de regeneración del $76,6 \pm 11,5\%$. Los brotes organogénicos obtenidos se seccionaron del explante y se transfirieron a medio MS con 6-Bencilaminopurina y Ácido 1-naftalenacético, empleado en eucalipto para la obtención de microplantas. Estos resultados son un gran aporte para la aplicación de técnicas de ingeniería genética en clones selectos de eucalipto

MV 52

EVALUACIÓN DE MEDIOS BASALES EN LA MULTIPLICACIÓN *IN VITRO* DE CLONES *Eucalyptus benthamii* x *E. camaldulensis*

Ayala P.G.¹, V.L Vivas¹, P.A Sansberro^{2,3}, L. Harrand¹, G.J. Oberschelp¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Concordia, Entre Ríos, Argentina; ²Laboratorio de Biotecnología Aplicada y Genómica Funcional, Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET), Corrientes, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: ayala.paula@inta.gob.ar

La sensibilidad a heladas de los eucaliptos cultivados en la Mesopotamia puede provocar pérdidas parciales o totales en plantaciones jóvenes. Esto llevó al desarrollo de clones híbridos de *Eucalyptus benthamii* Maiden & Cambage x *E. camaldulensis* subsp. *camaldulensis* Dehnh. (BCC), por su tolerancia a heladas y gran capacidad de enraizamiento adventicio. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de los medios MS, JADS, WPM y EDM complementados con 6-Bencilaminopurina ($0,1 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$) y Ácido 1-naftalenacético ($0,05 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$), sobre la multiplicación, elongación y enraizamiento, bajo un diseño completamente al azar, con tres repeticiones. Para ello, se evaluó el número de yemas por explante, el porcentaje de enraizamiento y el porcentaje de brotes elongados de cada tratamiento, a los 50 días. Se identificaron efectos significativos para medio de cultivo y clon. El clon BCC12 en medio WPM, fue superior tanto en yemas por explante ($28,6 \pm 2,13$) como en elongación ($2,37 \pm 0,9 \text{ cm}$), mientras que BCC5 presentó la mejor respuesta al enraizamiento ($7,33 \pm 3$) en este mismo medio. Si bien genotipos puntuales, como el BCC12, pueden alcanzar mejores respuestas en WPM, el medio MS generó un elevado número de yemas en los cuatro clones evaluados, resultando el medio más apropiado para la multiplicación *in vitro*. Por otro lado, en medio WPM se obtuvieron respuestas rizogénicas, aún sin un balance hormonal adecuado, indicando su potencial como medio de enraizamiento. Se considera a este trabajo como el primer protocolo para la multiplicación *in vitro* de estos clones híbridos.

MCTA

**MUTAGÉNESIS,
CARCINOGENÉESIS
Y TERATOGENÉESIS
AMBIENTAL**

MUTAGENESIS,
CARCINOGENESIS
AND ENVIRONMENTAL
TERATOGENESIS

MCTA 1

EL ANTIBIÓTICO ESTREPTOZOTOCINA INDUCE FRAGILIDAD TELOMÉRICA EN CÉLULAS HUMANAS LINFOBLASTOIDEAS

Cardozo A.G.¹, C.M. Plez Ragusa^{1,2}, D.C. Castrogiovanni¹, A.D. Bolzán^{1,2}. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), La Plata, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: andreagabrielacardozo@gmail.com

Los telómeros son complejos nucleoproteicos localizados en los extremos de los cromosomas eucarióticos, que están involucrados en la preservación de la integridad de los mismos. La estreptozotocina (EZ) es un antibiótico antitumoral con propiedades diabéticas cuyos efectos sobre los telómeros humanos son desconocidos. El objetivo de este trabajo fue determinar si la EZ induce inestabilidad telomérica *in vitro* en células humanas. Se utilizó una línea celular linfoblastoidea generada a partir de un cultivo primario de linfocitos de sangre periférica inmortalizados con el virus de Epstein-Barr. Las células fueron tratadas durante 1 h a 37° C con concentraciones crecientes de EZ (0,5 a 4,0 mM) y se analizaron las aberraciones cromosómicas a las 24 h (primera mitosis) postratamiento, utilizando la técnica de Hibridación *In Situ* Fluorescente con sondas pantelomérica y pancentromérica de tipo PNA ("Peptide Nucleic Acid"). Esto último permitió detectar simultáneamente a todos los telómeros y centrómeros presentes en los cromosomas de cada metafase a analizar. Se observó una inducción significativa ($p < 0,05$) de duplicaciones de señales teloméricas en las células tratadas con EZ en comparación con las células no expuestas al antibiótico (control negativo y control con el solvente de la EZ, citrato de sodio). Nuestros resultados preliminares (obtenidos del análisis de un primer experimento) indican que en células humanas linfoblastoideas la EZ induce fragilidad telomérica, evidenciada por la presencia de señales teloméricas duplicadas.

MCTA 2

GENOTOXICIDAD DE TEBUCONAZOL ANALIZADA EN LA LÍNEA CELULAR HEP-2

Andrioli N.B.¹, M. Nieves², M. Poltronieri³, C. Bonzon³, G. Chaufán³. ¹GIBE-FCEyN-UBA/IEGEB-CONICET, Buenos Aires, Argentina; ²Centro de Investigaciones en Reproducción Humana y Experimental (CIRHE)-CEMIC, CONICET, Buenos Aires, Argentina; ³Laboratorio de Enzimología Estrés y Metabolismo, FCEyN-UBA/IQUIBICEN-CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: nancyandrioli@gmail.com

Los efectos toxicológicos de agroquímicos sobre la población humana están vinculados al consumo de residuos en alimentos y a las fuentes de exposición al momento de aplicación. El tebuconazol (TB) es uno de los fungicidas del que escasean datos sobre su potencial genotóxico. Con el objetivo de evaluar el potencial genotóxico *in vitro* se utilizó la línea celular HEP-2 para implementar la prueba de micronúcleos (MN) con sonda centromérica diferenciando clastogénesis de aneugénesis (MNC- y MNC+). Las células se expusieron a concentraciones subletales de 20, 30, 40 y 50 µg/mL de TB. Para evaluar daño al ADN (ID) se realizó el ensayo cometa a 40, 60 y 80 µg/mL. El índice de división nuclear y el índice de replicación no arrojaron diferencias significativas entre células tratadas y no tratadas indicando que no afectó la división celular. La frecuencia de MN mostró diferencias significativas entre las concentraciones de TB y el control negativo con $p = 0,00112$, 0,001, 0,001 y 0,0045, respectivamente, siendo la relación MNC-/MN totales = 0,72, indicando clastogenicidad. Los valores ID muestran inducción de daño con efectos diferenciales en la reparación dependientes de la concentración. La genotoxicidad inducida en concentraciones subletales y subcitotóxicas implica un riesgo de mutagenicidad, ya que a esas concentraciones no se detiene la proliferación celular, favoreciendo un linaje portador de mutaciones viables. El presente estudio realizado sobre un modelo *in vitro* es una aproximación a la evaluación del riesgo de mutagenicidad causada por bajas concentraciones de un agente genotóxico que podría alcanzar a la población humana.

MCTA 3**EFFECTOS DE LA SUPLEMENTACIÓN CON MICRONUTRIENTES MINERALES SOBRE LA VIABILIDAD CELULAR EN CULTIVOS DE SANGRE BOVINA**

Gribaudo V.¹, N. Gallardo¹, R. Gambaro¹, G Padula^{1,2}, A. Seoane¹. ¹IGEVET-CONICET-UNLP, La Plata, Argentina; ²Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, Argentina. E-mail: aseane@fcv.unlp.edu.ar

Las vitaminas y minerales son aditivos alimentarios muy utilizados en producción animal. Se emplean cuando los animales presentan deficiencia debido a una disminución en el consumo o por alteraciones metabólicas. Existen enfoques nutricionales dirigidos a optimizar la salud del ganado y los rasgos productivos después del destete, un ejemplo es la suplementación con minerales dado su papel en la salud y el crecimiento. El objetivo del trabajo fue valorar los posibles efectos sobre la viabilidad celular provocados por la suplementación con combinaciones de minerales (CM) conteniendo edetato de cobre (1%) y de zinc (6%), ioduro de potasio (1%) y selenito de sodio (0,5%) en concentraciones coincidentes con las comerciales. El ensayo se llevó a cabo en sangre periférica bovina cultivada *in vitro*. Los cultivos se realizaron por 48 h a 37° C con medio HamF12, suero bovino fetal y antibióticos. Durante las últimas 24 h se efectuaron los tratamientos (concentración de cada mineral en µg/ml): 1. Control negativo, 2. CM 1 (0,1 Cu; 0,6 Zn; 0,1 I; 0,05 Se); 3. CM 2 (0,2 Cu; 1,2 Zn; 0,2 I; 0,1 Se); 4. CM 3 (0,4 Cu; 2,4 Zn; 0,4 I; 0,2 Se); 5. Control positivo: etanol 10%. Se realizó el ensayo MTT. Los resultados evidenciaron que la suplementación con diferentes combinaciones de micronutrientes minerales resultó inocua para los cultivos. La mayor viabilidad celular se observó en la CM 1. Dado que una menor concentración a la utilizada habitualmente para suplementar a los animales *in vivo* presenta una mayor viabilidad celular, se propone investigar sus efectos sobre el estrés oxidativo y el daño genético.

MCTA 4**ALTERACIONES NUCLEARES EN PICHONES DE CODORNIZ COMÚN (*Coturnix coturnix* L.) EXPUESTOS A UNA FORMULACIÓN DE CLOROPIRIFOS DURANTE INCUBACIÓN ARTIFICIAL**

Quero M., N. Gorla. Universidad Juan Agustín Maza, Buenos Aires, Argentina. E-mail: aamartinquero@gmail.com

En la actualidad es conocido el riesgo que representan los insecticidas organofosforados para las aves silvestres que habitan sitios agrícolas. La codorniz común, *Coturnix coturnix* L., es un modelo experimental apropiado para evidenciar efectos que manifestarían las aves expuestas en ambientes naturales. El presente estudio tiene por objeto detectar variaciones en la frecuencia de micronúcleos (MN) y otras alteraciones nucleares (AN) en eritrocitos de pichones de *C. coturnix* expuestos a una formulación comercial de clorpirifos CPF (Icona®) durante el desarrollo embrionario. Un total de 109 huevos se incubaron durante 18 días. Se aplicaron tratamientos en base a las concentraciones: 38,4 µg CPF/huevo (h), 192 µg CPF/h, 384 µg CPF/h, agua destilada, Mitomicina C 0,1 mg/h; en tres momentos: los días 1, 4 y 14 de la incubación, mediante una aplicación única que simula la pulverización a campo. De los pichones eclosionados (n=59 individuos) se obtuvieron frotis de sangre, se colorearon con Giemsa y se analizaron 10.000 eritrocitos por individuo. Fueron cuantificados: MN, brotes nucleares, eritrocitos binucleadas, puentes nucleoplásmicos, colas y hendiduras nucleares, núcleos periféricos y eritroplástidos. Existieron diferencias en las frecuencias de MN y de hendiduras por exposición a CPF ($p < 0,05$), uno de los insecticidas más utilizados en frutales de Mendoza. El efecto fue concentración-dependiente. La formulación de CPF aplicado una sola vez induce efectos genotóxicos en embriones de codorniz. Esto demuestra el potencial tóxico que podrían representar las aplicaciones rutinarias sobre la avifauna de los ecosistemas agrícolas.

MCTA 5

TOXICIDAD DE IMIDACLOPRID (CONFIDOR®) SOBRE HUEVOS DE *Chrysoperla externa* Hagen (NEUROPTERA: CHRYSOPIDAE) UTILIZANDO ENSAYO COMETA

Fernández Acevedo V., A. Seoane², S. Rodríguez Gil¹, M.I. Schneider¹. ¹CEPAVE, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ²GEVET, La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: victoriafernandez@outlook.com

Chrysoperla externa es una especie relevante como controlador biológico de plagas agrícolas. Se realizó el ensayo cometa para analizar el daño genético del insecticida imidacloprid. Dado que no existe protocolo estandarizado se ajustó la técnica para huevos de *C. externa*. El material biológico provino de colonias establecidas en el laboratorio de Ecotoxicología y Control Biológico del CEPAVE. Huevos de ≤ 24 h de edad se trataron con imidacloprid (Confidor 20®, Bayer) a través del método de inmersión con la dosis de campo recomendada (50 hl/cc) y diferentes tiempos de exposición (5, 10 y 15 s), utilizando agua destilada como disolvente. Los controles fueron tratados solo con solvente. Se realizó el ensayo cometa con algunas modificaciones respecto de la técnica original. La solución de lisis se preparó con solución salina y 0,5% de tritón. Se utilizó durante una hora. La corrida electroforética se realizó por 10 min con 25 voltios a 250 mA. Para la visualización los preparados se tiñeron con 20 μ l de colorante SYBR Green y se analizó con microscopio de fluorescencia Olympus BX40 (filtros de excitación de 515–560 nm) con objetivo 40x. Los controles mostraron células en grado 0 y 1 que reflejan la ausencia de daño en el ADN. Los huevos tratados presentaron células en grado 3 y 4 permitiendo inferir la inducción de daño en el material genético. Se necesitará aumentar el número de experiencias para encontrar resultados estadísticamente fidedignos y futuros estudios para relacionar el daño genético con aspectos biológicos.

MCTA 6

EVALUACIÓN GENOTÓXICA Y CITOTÓXICA DE *Sorocea bonplandii* (Baill.) Burg., Lanj. & W. Bôer EN CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE *Allium cepa* L.

Fournier Aldunate K.A.^{1,2}, J.D. Caffetti¹, C.G. Altamirano². ¹Instituto de Biología Subtropical (UNaM-IBS-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ²Laboratorio de Farmacobotánica “Dr. Aníbal Amat”, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: katherine.ale.fournieraldunate@gmail.com

Sorocea bonplandii Burg., Lanj. & W. Bôer (Moraceae) o “Ñandipá”, es una especie arbórea nativa de la provincia de Misiones y uno de los adulterantes frecuentes de *Monteverdia ilicifolia* (Reissek ex Mart.) Biral (Celastraceae) o “Congorosa”, debido principalmente a su similitud morfo-anatómica. Se la utiliza como antiulceroso y adelgazante, aunque existen escasos antecedentes de su toxicidad. Por ello se propuso como objetivo evaluar la actividad citotóxica y genotóxica de extractos acuosos de hojas de *S. bonplandii*, empleando el test de *Allium cepa* L. Se utilizaron bulbos previamente detoxificados con agua destilada oxigenada por burbujeo continuo. Luego se expusieron a las diferentes concentraciones de los extractos que fueron preparadas cada 24 h a partir de una solución madre de 20 g de droga vegetal por litro de agua. Se probaron concentraciones de 300, 150, 50 y 20 ml de solución madre por litro de agua (V/V), se empleó como control negativo agua destilada y como control positivo Paracetamol 125 mg/L por un periodo de 72 h. Se obtuvo un $IC_{50}=44,62$ ml/L. Las concentraciones testeadas mostraron reducción del índice mitótico, además de frecuencias significativas elevadas ($p<0,05$) de micronúcleos y anomalías nucleares respecto al control negativo para las concentraciones de 150 y 300 ml/L. No se detectaron diferencias en relación a las alteraciones cromosómicas. Los extractos testeados de *S. bonplandii* causan efecto citotóxico y daño genotóxico en *A. cepa*. Por lo que se propone continuar el estudio mediante un modelo animal, además de una det

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**