

SIMPOSIOS

SYMPOSIA

SIMPOSIO

INTERNACIONALIZACIÓN DE LA GENÉTICA Y EL MEJORAMIENTO VEGETAL DEL LITORAL ARGENTINO: APORTES CLAVES DESDE ROSARIO

Acuña M.¹ EEA Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina.
acuna.mariela@inta.gob.ar

Los avances y las investigaciones en el campo de la genética y el mejoramiento de cultivos en la región del Litoral argentino han adquirido una proyección y reconocimiento a nivel internacional. Ello también, es parte del legado de aquellos que han trabajado en esta área con la Dra. Picardi trascendiendo a escala global. El Dr. Ortiz y col. abordan la apomixis en *Paspalum spp*, mencionan los avances hacia la comprensión de un sistema natural de clonación, por semilla. Los resultados revelan que la apomixis está controlada por un locus simple que presenta fragmentación en la referencia diploide, lo que sugiere que genes vinculados al desarrollo podrían desempeñar un papel crucial en la transición de la sexualidad a la apomixis. El Dr. Kreff destaca las innovaciones en el mejoramiento genético de maíz para aumentar la producción y la incorporación de nuevas tecnologías tales como la inteligencia artificial, la optimización de los procesos de mejoramiento, la robótica y automatización en el fenotipado, y la edición génica, además de un uso más preciso del germoplasma. El Dr. Schrauf alude que gran parte de las ideas en que se basaron las líneas que menciona, partieron de discusiones realizada con la Dra. Picardi, presenta resultados en numerosas especies e investigaciones que han brindado tanto cultivares como en aporte al conocimiento. Por último, la Dra. Mayor señala la utilización de diferentes tecnologías de fenotipación y genotipación que sumadas al conocimiento del germoplasma en sorgo, facilitan el desarrollo de híbridos y posibilitan el aumento de la ganancia genética anual.

GENÉTICA Y GENÓMICA DE LA APOMIXIS EN *PASPALUM*, AVANCES HACIA LA COMPRENSIÓN DE UN SISTEMA NATURAL DE CLONACIÓN POR SEMILLAS

Ortiz J.P.A.¹, J.M. Vega¹, M. Podio¹, J. Orjuela², L.A. Siena¹, S.C. Pessino¹, M.C. Combes², C. Mariac², E. Albertini³, F. Pupilli⁴, O. Leblanc². ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; ²DIADÉ, Universidad de Montpellier, CIRAD, IRD, Montpellier, Francia; ³Department of Agricultural, Food and Environmental Science, University of Perugia, Perugia, Italia; ⁴Institute of Biosciences and Bioresources (IBBR), National Research Council (CNR), Perugia, Italia. jortiz@unr.edu.ar

El género *Paspalum* incluye varias especies forrajeras nativas de las regiones tropicales y subtropicales de América. *P. notatum* forma un complejo multiploide en donde el citotipo diploide es sexual y autoincompatible y el tetraploide es apomítico y autofértil. La apomixis está controlada por un locus simple (ACL) que muestra restricción de la recombinación y segregación distorsionada. Aunque se conoce la herencia del ACL y varios genes asociados al fenotipo apomítico, no se han determinado completamente las bases moleculares que controlan el carácter y su expresión. Recientemente ensamblamos y anotamos el genoma de la especie a partir de un citotipo diploide. En el mismo se identificaron todas las características del genoma y 45.074 modelos génicos. Sobre esta base, utilizando marcadores moleculares ligados a la apomixis en los citotipos tetraploides se localizaron dos regiones genómicas (Cromosoma 5 y 8) conteniendo 850 y 255 genes, respectivamente. Los análisis de enriquecimiento por GO mostraron componentes de la regulación de la floración, el desarrollo de brotes y el desarrollo del embrión. Los resultados indican que el ACL se encuentra fragmentado en la referencia diploide y que genes relacionados al desarrollo pueden estar cumpliendo un rol clave en la transición entre la sexualidad y la apomixis. Análisis similares se están realizando sobre ensamblados de genomas tetraploides.

CONTINUANDO EL LEGADO DE LILIANA PICARDI: INNOVACIONES EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE MAÍZ

Kreff E.D.¹. ¹Semilla Nueva. Pergamino, Buenos Aires, Argentina. edkreff@gmail.com

En la búsqueda de una producción agrícola sustentable con impactos positivos en el ambiente, la salud y la diversidad, el mejoramiento genético del maíz es esencial. En regiones donde la dieta depende en gran medida del maíz, esto puede causar deficiencias de nutrientes como zinc, hierro y aminoácidos esenciales (lisina y triptófano), aumentando el riesgo de desnutrición. El mejoramiento del maíz ha logrado avances genéticos importantes a lo largo de las décadas, con un enfoque en aumentar la producción y la incorporación de nuevas tecnologías. Tecnologías como la hibridación, viveros de contra estación, ambientes controlados, OGMs, haploides duplicados y marcadores moleculares han optimizado este proceso. Mirando hacia el futuro, los nuevos esquemas de mejoramiento incluyen el uso de inteligencia artificial para el diseño de productos y la optimización de los procesos de mejoramiento, la robótica y automatización en la fenotipificación, y la manipulación genómica avanzada como la edición génica, además de un uso más preciso del germoplasma para aumentar la diversidad. En esta nueva era del mejoramiento del maíz, las posibilidades de obtener cultivos con mayor productividad y características novedosas son amplias. Es crucial aplicar la edición génica y aprovechar la diversidad disponible en el germoplasma de maíz, tanto local como global. También es fundamental identificar las posibles sinergias entre estas nuevas tecnologías y las previamente implementadas para desarrollar cultivos de maíz biofortificados que combatan la desnutrición en América Central y África Subsahariana.

INTENTANDO SER CREATIVOS PARA MEJORAR LAS PLANTAS, OTRO LEGADO DE LILIANA PICARDI

Schrauf G.E.¹. ¹Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina; Criadero Cultivos del Sur. Buenos Aires, Argentina. gschrauf@agro.uba.ar

Se sintetizan líneas desarrolladas en la Cátedra de Genética y Criadero Cultivos del Sur FAUBA, en colaboración con diferentes unidades académicas. En pre-mejoramiento, se estudiaron especies como *Deschampsia antarctica*, *Bromus pictus*, *Elymus scabrifolius* entre otras. En Genética Molecular, se analizaron eventos transgénicos de *Trifolium repens* e intragénicos en *Lolium perenne* y se obtuvieron eventos en *Paspalum dilatatum* que retardan senescencia, acumulan azúcares, reducen contenido de ligninas y otorgan tolerancia a salinidad. Se inscribieron en Registros del INaSe 12 cultivares forrajeros (dos *Festuca arundinacea*, dos *Trifolium repens*, dos *Bromus catharticus*, dos *Paspalum dilatatum*, uno *Elymus scabrifolius*, uno *Elymus elongatus*, uno *Melilotus albus*, un *Lotus corniculatus*) aplicando criterios novedosos de selección. En arándanos (*Vaccinium corymbosum*) se inscribieron cuatro cultivares que se destacan por su sabor, vida poscosecha y producción. En maíz se desarrollaron híbridos interinstitucionales con el INTA que muestran una muy alta heterosis y durante 2024 se halló que un híbrido inédito de la FAUBA mostró una muy alta tolerancia al complejo de enfermedades que acarrea el ataque de la chicharrita. En tomate se inició un programa cuyo criterio principal fue la recuperación del sabor. Se inscribieron tres cultivares, uno con la denominación de “La Piqui”. Se realizan cruzamientos dentro de los que se destacan aquellos con especies silvestres tolerantes al virus rugoso del tomate. Gran parte de las ideas en que se basaron estas líneas partieron de discusiones con la Dra. Liliana Picardi.

AVANCES EN EL USO DE TECNOLOGÍA EN MEJORAMIENTO COMERCIAL DE SORGO

Mayor L.¹ ¹Corteva Agriscience, Manhattan, Kansas, Estados Unidos de América. laura.mayor@corteva.com

Durante más de 65 años, el Departamento de Investigación de Sorgo de Corteva ha estado proporcionando híbridos comerciales de élite a los productores de este cultivo. Para lograr ese objetivo, nuestro equipo de investigación alinea las metas de mejoramiento para satisfacer las necesidades de los productores en los diferentes mercados de sorgo. Las últimas tecnologías de fenotipificación y genotipificación son utilizadas para el desarrollo de híbridos con el objetivo de avanzar en el proceso de mejora. Estas tecnologías, en combinación con un profundo conocimiento del germoplasma, permiten un aumento anual de la ganancia genética. El resultado de este proceso es el desarrollo de líneas parentales superiores y su posterior utilización en el desarrollo de híbridos con mayor adaptación a las diferentes condiciones en los ambientes donde crece el cultivo. En esta presentación nos enfocaremos en la utilización de diferentes tecnologías y su uso en programas comerciales de mejoramiento.

SIMPOSIO

DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA A LA MEDICINA DE PRECISIÓN

Hinrichsen L.¹ Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. lhinrich@unr.edu.ar

La genética ha sido y es una herramienta importante para descubrir nuevos aspectos de la biología humana. La variación de la línea germinal y la mutación somática están íntimamente relacionadas y juntas determinan los rasgos humanos y los estados de salud/enfermedad. Las variantes de línea germinal están presentes desde la concepción, varían entre individuos y se acumulan a lo largo de las generaciones. Las mutaciones somáticas, debidas a fuentes intrínsecas y extrínsecas mutacionales y a presiones selectivas, se acumulan durante la vida de un individuo en mosaicos. La arquitectura genética de un fenotipo determinado incluye tanto el número de variantes genéticas que influyen en él como la magnitud de los efectos de las variantes, sus frecuencias en las poblaciones y sus interacciones entre sí y con el ambiente. En ningún ámbito ha sido más sorprendente el impacto de la genética que en la práctica clínica. El Proyecto Genoma Humano aceleró un cambio de paradigma, revolucionando la atención médica. La medicina moderna integra tecnologías para la identificación del tratamiento preciso y define el marco para obtener resultados clínicos exitosos en torno a cinco aspectos: administración del medicamento correcto al paciente correcto en el momento correcto en la dosis correcta a través de la vía de administración correcta. Este enfoque, que considera el historial médico, las variantes génicas, el entorno y el estilo de vida del paciente, define la medicina de precisión. En este simposio se analizará el impacto de la variación génica sobre las complejidades de la medicina de precisión.

ABORDAJE MOLECULAR DE LAS DISTROFIAS MUSCULARES: CONFIRMACIÓN DIAGNÓSTICA Y SU ROL EN LA MEDICINA DE PRECISIÓN

Carcione M.¹, C. Mazzanti¹, C. Llamas Massini¹, T. Visconti¹, F. Giliberto¹. ¹Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires (UBA), INIGEM (UBA-CONICET), Hospital de Clínicas "José de San Martín". Buenos Aires, Argentina. gilbertoflor@gmail.com

Las distrofias musculares (DM) son un grupo de enfermedades genéticas/hereditarias que causan degeneración muscular progresiva. La distrofia muscular de Duchenne (DMD), la más frecuente y severa es causada por alteraciones en el gen *DMD*. Es recesiva ligada al X, afecta principalmente a varones, aunque algunas mujeres presentan síntomas. La variabilidad clínica entre afectados es significativa, incluso entre aquellos con la misma mutación. El diagnóstico de DM es complejo debido al solapamiento de signos y síntomas entre las DM, por lo que el abordaje molecular es esencial para un diagnóstico diferencial. Aunque no existe cura, se han logrado avances en terapias, especialmente para la DMD: *exon skipping*, evasión del codón de terminación prematuro y terapia génica. Nuestra investigación se centra en la DMD. Hemos analizado 3.000 muestras de pacientes y familiares con DM. El diagnóstico temprano es crucial para determinar cuidados que retrasen la progresión de la enfermedad y mejoren la calidad de vida, así como para proporcionar asesoramiento genético y determinar la elegibilidad para tratamientos específicos. Implementamos un algoritmo diagnóstico utilizando MLPA, NGS, PCR-Sanger, ARNm y herramientas bioinformáticas. Este trabajo presenta el algoritmo molecular para el diagnóstico de DM y su utilidad para determinar protocolos terapéuticos específicos según la variante genética. Además, se resumen investigaciones sobre la afectación muscular en mujeres portadoras de *DMD* y el estudio de genes modificadores de la progresión clínica de la DMD.

BIOMARCADORES MOLECULARES EN LA CARACTERIZACIÓN DIAGNÓSTICA DE GLIOMAS: UN DESAFÍO EN LA MEDICINA DE PRECISIÓN

Perez G.R.¹. ¹Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. gperez@fbioyf.unr.edu.ar

Los gliomas son los tumores primarios del sistema nervioso central más frecuentes en adultos e incluyen a los astrocitomas, oligodendrogliomas y glioblastomas (GBM). De todos ellos, GBM es el más agresivo y letal, y una patogénesis compleja debido a un genoma tumoral altamente desregulado donde están involucradas distintas vías de señalización interconectadas. Las limitaciones en eficacia de la radioterapia y agentes quimioterapéuticos posquirúrgicos convencionales son un problema médico de gran importancia. Sin embargo, nuevos enfoques terapéuticos mejoraron la supervivencia y calidad de vida de los pacientes a grados variables. La comprensión actual de las características moleculares en la gliomagénesis ha demostrado que es poco probable que haya eventos genéticos o celulares únicos que puedan incluir a todos los pacientes. Por ello, el uso de biomarcadores genotípicos y fenotípicos de forma integrada, propuesto en las últimas recomendaciones de clasificación de gliomas por la Organización Mundial de la Salud en 2016 y 2021, agregó mayor nivel de objetividad al proceso diagnóstico.

Si bien, esto es un avance sustancial, seguramente la incorporación en el futuro de nuevos biomarcadores moleculares producirá entidades biológicamente cada vez más homogéneas que conducirá a una mayor precisión diagnóstica, a un mejor manejo del paciente y una determinación más precisa del pronóstico y la respuesta al tratamiento. La clave de disponer de un tratamiento exitoso para estos tumores radicarán en el desarrollo de terapias específicas dirigidas a subconjuntos definidos molecularmente.

IMPACTO DEL ASESORAMIENTO GENÉTICO ONCOLÓGICO EN LA ACTUALIDAD

Mampel A.¹. ¹Hospital Universitario, Universidad Nacional de Cuyo (UNCu); Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, UNCu. Mendoza, Argentina. mampelalejandra@gmail.com

La oncología ha presentado en los últimos años grandes avances en la identificación y comprensión de algunos factores involucrados en su etiología, gracias al desarrollo de la biología molecular. Es indudable que la utilización de estrategias clínico-moleculares ha mejorado la selección de medidas de seguimiento, vigilancia y tratamiento de los pacientes. El estudio del estatus molecular de los afectados con cáncer, permite identificar a pacientes con alto riesgo a enfermar a lo largo de la vida, en especial aquellos que padecen alguna forma hereditaria. Ellos podrían acceder a estrategias de seguimiento y tratamientos de precisión, sin olvidar la importancia que esta información tiene para completar el asesoramiento genético en otros individuos, con potencial riesgo de enfermar, en esas familias.

SIMPOSIO

GENÉTICA DE MICROORGANISMOS Y AGENTES VIRALES

Pioli R.¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR). Santa Fe, Argentina. rosannanpioli@gmail.com

Los microorganismos y virus cumplen distintos roles al interactuar con sus diversos hospedantes (simbiosis, endofitía, parasitismo), son biodegradadores, coreguladores y se utilizan en la industria farmacéutica y alimenticia. Su conocimiento constituye un desafío permanente, por ello, se abordarán cuatro Líneas de investigación: *Metagenómica para aprovechamiento y agregado de valor en la industria láctea*: siendo el lactosuero el principal subproducto que conserva gran parte de sus nutrientes y vitaminas, se presentará la amplificación, clonado y expresión en sistemas heterólogos de enzimas proteolíticas y α -galactosidasas a partir de ADN metagenómico previamente secuenciado. *Micología y mecanismos de resistencia a los antifúngicos*: la resistencia a los antifúngicos en hongos de interés en clínica humana varía según la especie fúngica y el antifúngico. En este contexto, se analizarán los mecanismos moleculares de resistencia descritos para especies relevantes. *Microorganismos nativos de interés biotecnológico*: se abordará el uso y aplicación de especies bacterianas y levaduras autóctonas en la obtención de alimentos fermentados y desarrollo de procesos biotecnológicos: vinagres y vinos. *Respuestas de defensa en plantas inducidas por el virus TNVA*: una cepa del virus de la necrosis del tabaco induce lesiones necróticas en hojas de diversos hospedantes, pero en dos especies evaluadas progresa a necrosis sistémica. Sobre los resultados alcanzados se investigará los PAMPs virales y cómo TNVA modula factores del hospedante para diferenciar entre necrosis sistémica y local.

METAGENÓMICA PARA EL APROVECHAMIENTO Y AGREGADO DE VALOR A SUBPRODUCTOS DE LA INDUSTRIA LÁCTEA

Eberhardt M.F.¹. ¹Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL, CONICET-INTA), Santa Fe, Argentina. eberhardtflorencia@gmail.com

El lactosuero es el principal subproducto de las industrias lácteas, compuesto por la porción acuosa que se separa del queso durante la coagulación de la leche. Representa aproximadamente entre el 90% del volumen inicial y conserva gran parte de sus nutrientes, proteínas, lípidos, lactosa, minerales y vitaminas. Por su composición, se puede considerar materia prima para productos de valor agregado. La utilización de los hidrolizados de proteína de suero ha reportado múltiples actividades incluyendo antihipertensivas, antioxidante, antitrombótico, opioide, antimicrobiano, citomodulador e inmunomodulador. Por otro lado, los galactooligosacáridos obtenidos a partir de la lactosa pueden utilizarse como prebióticos para microorganismos beneficiosos para el tracto gastrointestinal del humano. Estos compuestos se pueden obtener mediante tratamientos fisicoquímicos, microbianos o enzimáticos. En particular, estos últimos tienen la ventaja de ser altamente selectivos, más estables y menos contaminantes, haciendo que el mercado mundial de enzimas crezca a ritmos acelerados. La bioprospección de enzimas a partir de metagenomas permite identificar nuevas enzimas tanto de microorganismos cultivables como no cultivables, las cuales se espera que tengan actividades destacadas por sobre las comerciales. En este trabajo presenta la búsqueda, predicción, amplificación, clonado y expresión en sistemas heterólogos de enzimas proteolíticas y β -galactosidasas a partir de un ADN metagenómico previamente secuenciado por el grupo de dos lagunas de estabilización de la industria láctea.

MICOLOGÍA Y MECANISMOS DE RESISTENCIA A LOS ANTIFÚNGICOS

García-effron G.¹. ¹Laboratorio de Micología y Diagnóstico Molecular (CONICET), Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina. ggarcia@unl.edu.ar

La resistencia a los antifúngicos varía según la especie fúngica y el antifúngico. Para la anfotericina B, los casos de resistencia son raros y poco estudiados. En azoles, existe una amplia gama de mecanismos, mientras que en equinocandinas, la resistencia clínica está vinculada a sustituciones de aminoácidos en el target de la droga (Fksp). La resistencia clínica se vincula a infecciones por aislamientos mutantes seleccionados intra-tratamiento o por infección con mutantes seleccionados en el ambiente. Estas cepas resistentes, sobreviven a la presión de los antifúngicos mediante la sobreexpresión de genes compensatorios, vías de respuesta al estrés y reordenamientos cromosómicos. Estos cambios pueden revertirse si se reduce la presión antifúngica. Por el contrario, durante el tratamiento pueden seleccionarse mutantes “estables”, que mantienen los cambios genéticos independientemente de la presión. En la práctica clínica, estos mutantes deben identificarse porque son responsables de fallas terapéuticas. Los mecanismos moleculares involucrados en los fenotipos de resistencia a los antifúngicos incluyen la alteración de la interacción de la droga con su target, reducción de la concentración citoplasmática de la droga y *bypass* metabólicos. El objetivo de la presentación, será presentar un resumen de los mecanismos moleculares de resistencia descritos a nivel local y mundial en distintas especies de hongos de importancia en clínica humana como *Candida* spp., *Aspergillus* spp y *Cryptococcus* spp. Se destacará la experiencia de nuestro laboratorio en el tema.

MICROORGANISMOS NATIVOS DE INTERÉS BIOTECNOLÓGICO

Gerard L.M.¹, M.B. Corrado¹, M.G. Dalzotto^{1,2}. Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Entre Ríos, Argentina. liliiana.gerard@uner.edu.ar

Se aislaron e identificaron microorganismos autóctonos de importancia biotecnológica, provenientes de frutas de la región de Concordia, para ser aplicados en la obtención de alimentos fermentados. Así, se aislaron bacterias del ácido acético (BAA) de arándanos y frutas cítricas, levaduras y bacterias del ácido láctico (BAL) de uvas y en la fermentación espontánea de las variedades Tannat y Marselan. Las BAA se identificaron las técnicas moleculares: PCR-RFLP del gen 16S y PCR-RFLP del espaciador intergénico 16S-23S. Los resultados se confirmaron mediante secuenciación parcial del gen 16S. Además de identificar *Acetobacter pasteurianus*, se pudo reconocer a *A. syzygii*, una bacteria que hasta ese momento no era muy conocida, ni utilizada en la elaboración de vinagres. Para las levaduras se utilizó la amplificación del gen ribosomal 5,8S y sus dos espaciadores transcritos internos (ITS1 e ITS2) y posterior digestión enzimática utilizando *CfoI*, *HaeIII* y *HinfI*. *Saccharomyces cerevisiae* y *Pichia kudriavzevii* fueron las especies aisladas con mayor frecuencia. Los resultados se confirmaron con secuenciación del gen 26S rDNA D1/D2. En el caso de las BAL nativas, se buscó identificar *Oenococcus oeni*, mediante PCR específica utilizando los *primers* On1 y On2. Esta bacteria, transforma el ácido L-málico en ácido L-láctico contribuyendo a la obtención de vinos de menor acidez, mayor complejidad aromática y estabilidad microbiológica. Algunos de los microorganismos aislados e identificados se utilizaron en el desarrollo de procesos biotecnológicos: vinagres, aceto balsámico y vinos.

UNCOVERING THE PLANT DEFENSE RESPONSE INDUCED BY TOBACCO NECROSIS VIRUS A.

Depetris D.¹, M.R. Marano^{1,2}, L. Garcia^{1,2}. ¹Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario; ²Área de Virología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacia, Universidad Nacional de Rosario. Santa Fe, Argentina. garcia@ibr-conicet.gov.ar

Tobacco necrosis virus strain A (TNVA), a member of the Alphanecrovirus genus within the Tombusviridae family, induces necrotic lesions on inoculated leaves across a wide host range. TNVA infection rarely progresses to systemic necrotic disease, except in soybean and *Nicotiana benthamiana*. We have recently elucidated the mechanisms underlying TNVA-triggered local cell death in tobacco, finding similarities to resistance protein-mediated hypersensitive responses. TNVA infection stimulates local accumulation of viral small interfering RNA (vsiRNA) and modulates pathogen-associated molecular pattern (PAMP)-triggered immunity (PTI) processes. While TNVA-vsiRNAs are confined to infected leaves, the virus suppresses antiviral silencing amplification. TNVA activates PTI responses, including hydrogen peroxide production, cell wall strengthening, unfolded protein response, and salicylic acid (SA) induction. However, these defenses are insufficient to prevent viral replication or spread, leading to disease establishment. Enhancing plant defense responses through different treatments reduces TNVA systemic symptoms (chlorosis and dwarfism). TNVA appears to evade plant immunity by manipulating host factors, enabling low-level viral persistence in distant tissues. Further analysis of the viral proteins revealed that the capsid protein (CP) and ORF1 suppress antiviral silencing, facilitating viral spread and systemic symptoms. Future research will investigate whether viral PAMPs induce local lesions and how TNVA modulates host factors to differentiate between systemic and local necrosis.

SIMPOSIO

DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES ANIMALES DEL LITORAL ARGENTINO

Vera M.¹. ¹EEA Rafaela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Santa Fe, Argentina.
vera.milba@inta.gob.ar

La diversidad y la variabilidad genética tienen como base las variaciones heredables dentro y entre especies y/o poblaciones, y también consideran la variación epigenética y su impacto sobre el fenotipo en determinados ambientes. En su conjunto, determinan el potencial evolutivo incluso ante influencias antrópicas, y la respuesta a la selección. Por un lado, la utilización de la diversidad genética en el mejoramiento animal constituye una alternativa económicamente rentable, sin embargo, es necesario incorporar estrategias para mantenerla. Por el otro lado, los objetivos para la implementación de estrategias oportunas de conservación de especies o razas deben ser definidos a largo plazo requiriendo una evaluación genética exhaustiva dado que, precisan del seguimiento de cómo los factores que determinan el proceso evolutivo modelan la variabilidad genética de las poblaciones. En este simposio se expondrán trabajos realizados en caimanes, cerdos y peces del litoral argentino cuyos resultados pueden aportar a la toma de decisiones tendientes a preservar rasgos de adaptación o de eficiencia biológica y en algunos casos mejorar rasgos de interés productivo a contemplar en programas de aprovechamiento sustentable.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE GENES RELACIONADOS CON LA CALIDAD DE LA CARNE EN CERDOS DEL NORESTE ARGENTINO

Rodriguez V.R.¹, R.M. Barragan^{1,2}, M. Lagadari^{1,2}. ¹Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos de Entre Ríos (ICTAER); ²Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos. Entre Ríos, Argentina.
mariana.lagadari@uner.edu.ar

Considerando la relación entre el *background* genético y los atributos de calidad como un aspecto fundamental para el manejo de la calidad de la carne de cerdo, se investiga la segregación de polimorfismos de único nucleótido (SNPs) relacionados con estos atributos comparando la diversidad y estructura genética en poblaciones criollas y comerciales de diferentes granjas del noroeste argentino. Se realizó un análisis de SNPs en los genes candidatos *RYR1*, *PRKAG3*, *CAST*, *SOX6*, *PPARGC1a* y *PGAM2*, utilizando técnicas basadas en la amplificación de ácidos nucleicos (PCR-RFLP, PCR alelo específica, amplificación de mutaciones refractarias-PCR y análisis de fusión de alta resolución). En el análisis de diversidad, los genes candidatos mostraron un elevado polimorfismo y heterocigosidad poblacional (H_o 0,560 híbridos y 0,588 para criollos, R_A 2,17 para ambas poblaciones). Las desviaciones significativas en el HWE ($p < 0.05$) en los *loci* estudiados se corresponden con la elevada heterocigosis y con valores de F_{is} de -0,244 y -0,310 para poblaciones híbridas y criollas. Estos resultados sugerirían que los polimorfismos analizados aún no han sido expuestos a presiones selectivas. A excepción de los genes mayores *RYR1* y *PRKAG3*, donde se evidenció una selección moderada hacia los alelos con conocido efecto perjudicial, con una prevalencia de entre 15-25%, incluso en líneas híbridas. Estos marcadores genéticos podrían ser considerados en futuros programas de selección asistida como estrategia para mejorar la calidad de la carne de cerdo y satisfacer las demandas actuales de los consumidores.

ESTUDIOS GENÉTICOS APLICADOS A LA CONSERVACIÓN DE CAIMANES EN LA REGIÓN LITORAL

Amavet P.¹, G. Poletta². ¹Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral-CONICET; ²Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, Universidad Nacional del Litoral-CONICET. Santa Fe, Argentina. pamavet@fhuc.unl.edu.ar

Las poblaciones de caimanes argentinos (*Caiman latirostris* y *Caiman yacare*) son objeto de programas de manejo para su conservación y el uso sustentable de sus productos, desde hace tres décadas. Estas actividades permitieron la recuperación de sus poblaciones, amenazadas por la sobrecaptura y la falta de control comercial, pero actualmente se ven profundamente afectadas por la pérdida y transformación de su hábitat, así como por la contaminación ambiental. Con el objeto de evaluar el impacto de los planes de manejo en la conservación de las poblaciones de yacarés, se llevan a cabo desde hace varios años estudios genético-poblacionales en ambas especies, utilizando metodologías citogenéticas y moleculares. Al mismo tiempo, se emplean técnicas para evaluar la genotoxicidad y alteración en los patrones de expresión génica, como biomarcadores de exposición a plaguicidas, demostrando la sensibilidad de estas especies como centinelas de contaminación ambiental. Estos estudios demuestran la importancia de monitorear a largo plazo estas poblaciones nativas afectadas por diferentes actividades antrópicas.

LITORAL: CONTRIBUCIONES HACIA UNA GESTIÓN SOSTENIBLE

Villanova G.V.¹, E. Rueda¹. ¹Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario; Centro Científico Tecnológico y Educativo; Acuario del río Paraná. Santa Fe, Argentina. villanova@rosario-conicet.gov.ar

La pesca continental reviste gran importancia en nuestro país. La extracción anual en la región se estima en 40.000 toneladas, siendo el sábalo la principal especie explotada. Por otra parte, el cultivo de peces nativos ha sido una apuesta para el desarrollo de la piscicultura de la región, con el cultivo de pacú como insignia de la acuicultura de especies nativas. En la provincia de Santa Fe desde hace varios años se viene impulsando esta actividad principalmente en el centro-norte de la provincia. Desde hace más de una década, en el Laboratorio Mixto de Biotecnología Acuática (FCByF-UNR-CCTE-Acuario del Río Paraná) y en el Laboratorio de Genética (FHUC-UNL) venimos trabajando en el estudio de la diversidad y estructura genética de peces comerciales, como también en el desarrollo de herramientas biotecnológicas para el agregado de valor y la promoción del desarrollo de la acuicultura. El desarrollo de marcadores moleculares ha permitido llevar adelante diferentes líneas de investigación. A lo largo de estos años, ha sido posible describir el estado de conservación genética de las poblaciones e identificar stocks y/o linajes genéticos definidos tanto de poblaciones silvestres como de cultivo. El crecimiento y disponibilidad de las nuevas tecnologías de secuenciación masiva (NGS) permite la aplicación de estas técnicas a la genómica poblacional. Así es posible avanzar en una mejor caracterización del reservorio de variabilidad genética de los recursos y aplicar el conocimiento generado para elaborar planes alternativos de manejo, y la producción por piscicultura.