

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

POPULATION GENETICS AND EVOLUTION

GPE 1

DINÁMICA DE POBLACIONES ANTIGUAS EN EL PERIODO CULTURAL CLÁSICO DE OAXACA, MÉXICO

Aguirre Samudio A.J.¹, L. Medrano González². ¹Instituto de Investigaciones Antropológicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México; ²Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México. aguirresam@iia.unam.mx

Las diferentes relaciones y alianzas durante el periodo Clásico en el Valle de Oaxaca han sido estudiadas generalmente a través de la arqueología y antropología osteológica, las cuales han indicado la estratificación social y estilos de vida de los pobladores. Este trabajo se basa en el libro *Población y movilidad entre los zapotecos prehispánicos de Oaxaca* (Aguirre, Ortíz e Higelin Ponce de León, Eds., 2023) en el que se aborda el estudio multidisciplinario de dichas poblaciones antiguas. Analizamos las variantes genéticas mitocondriales de siete sitios arqueológicos del Valle de Oaxaca y de la Sierra Norte, Nexicho y Caxono, para investigar la dinámica poblacional en relación con rasgos culturales. Se utilizó la metodología de ADN antiguo de descontaminación y réplicas internas y se hicieron análisis de representatividad y suficiencia del muestreo, así como análisis de variación nucleotídica en tres de los grupos estudiados. Los genotipos de 60 individuos mostraron que en el sub-valle de Tlacolula los pobladores de Lambityeco, El Palmillo y Atzompa eran afines entre sí y tenían relación con al menos cuatro de los barrios de Teotihuacan. También se encontró que la variación genética de estos antiguos zapotecos, caracterizada por un alto contenido del halogrupa D, ha subsistido hasta la actualidad, indicando un probable aislamiento genético que corresponde a sus particularidades culturales. La similitud genética entre los antiguos pobladores de los valles centrales de Oaxaca y Teotihuacan refuerza la idea de relación entre ambos centros de desarrollo a través del comercio y alianzas mediadas por matrimonios.

Financiamiento: Programa de apoyo a proyectos de investigación e innovación tecnológica PAPIIT IN402818

GPE 2

ESPECTRO MUTACIONAL DE ALELOS DE TALASEMIA OBSERVADOS EN EL NOROCCIDENTE DE MÉXICO

Perea Díaz F.J.^{1,2}, L.D.C. Rizo De La Torre^{1,3}, R. Hernández Peña¹, B. Ibarra Cortés^{1,4}. ¹Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara (UdeG), México; ²División de Genética Humana, Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO), Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), México; ³División de Medicina Molecular, CIBO, IMSS, México. ⁴Departamento de Biología Molecular y Genómica, Instituto de Genética Humana "Dr. Enrique Corona Rivera", Centro Universitario de Ciencias de la Salud, UdeG, México. bibarrac2012@gmail.com

Las talasemias alfa (tal- α) y beta (tal- β) son hemoglobinopatías hereditarias con amplia distribución mundial y se caracterizan por anemia, microcitososis e hipocromía en grados variables. Deleciones en los genes *HBA1* y *HBA2* son la causa principal de tal- α , y mutaciones puntuales (SNV) en el gen *HBB* la de tal- β . Se han descrito alrededor de 140 alelos tal- α y 350 tal- β . El objetivo de este trabajo es mostrar la heterogeneidad molecular de los alelos observados en el noroccidente de México. En nuestro laboratorio se genotificaron 657 alelos de talasemia (221 tal- α y 436 tal- β) por PCR-ARMS, PCR-Gap, secuenciación Sanger y MLPA. Para tal- α observamos 17 alelos, dos SNV y 15 deleciones; tres alelos frecuentes constituyeron el 81,4% y fueron: $-\alpha 3$.⁷(g.34164_37967del3804) de amplia distribución mundial; α -5nt(c.95+2_95+6delTGAGG) frecuente en el Mediterráneo y observado también en Brasil y α -59c>T(c.-59C>T) no detectado en Latinoamérica. Para tal- β hemos caracterizado 30 alelos, 20 SNV, seis por inserción/delección de 1-20 pb y cuatro deleciones de >100 pb. Los cuatro alelos más frecuentes representaron el 78,2% y fueron: Cd39C>T(c.118C>T), IVS1:1G>A(c.92+1G>A) y IVS1:110G>A(c.93-21G>A), de origen Mediterráneo y comunes también en algunos países de Latinoamérica como Cuba, Brasil y Argentina, con diferentes frecuencias, y $\delta\beta$ -tal-tipo español(g.60375_153285del92911) que en Latinoamérica solo se ha encontrado en Brasil y en nuestra población. Variantes solo descritas en México son ocho para tal- α y cinco para tal- β . El análisis del espectro mutacional de los alelos de talasemia observados en México y en otras poblaciones Latinoamericanas reflejan la participación de componentes europeos, asiáticos y africanos en diferentes proporciones.

GPE 3

ASOCIACIÓN DE VARIANTES GENÉTICAS DE APOA1 Y APOA5 CON HIPERTRIGLICERIDEMIA Y DISLIPIDEMIA ATEROGÉNICA EN PACIENTES PEDIÁTRICOS DEL SUR-SURESTE DE MÉXICO

Irecta Nájera C.A.¹, L.E. Jiménez Martínez¹, H.O. Díaz López².

¹Grupo académico de Enfermedades Emergentes Epidémicas y del Metabolismo Asociadas a la Alimentación (EEEMAA), Departamento de Salud, El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR), Unidad Villahermosa Tabasco, México;

²Grupo académico EEEMAA, Departamento de Salud, ECOSUR, Unidad San Cristóbal de las Casas, México. cesar_irecta@hotmail.com

En México, la dislipidemia más frecuente es la hipertrigliceridemia que puede presentarse en modalidad de dislipidemia aterogénica (DA). Los genes *APOA5* y *APOA1* participan en el metabolismo lipídico como transportadores. Por lo que sus variantes genéticas suelen estar relacionados con trastornos lipídicos, aun en población infantil. El objetivo de este estudio fue determinar la asociación entre variantes genéticas de *APOA5* rs662799 y *APOA1* rs5070 y rs5072 con hipertrigliceridemia y DA en población pediátrica de la región Sur-Sureste de México. Se realizó un estudio de casos y controles que incluyó a 268 menores de edad entre 2 y 16 años. Se evaluaron variables clínico-antropométricas y perfiles lipídicos. Se extrajo el ADN de muestras de sangre y se realizó la genotipificación por sondas TaqMan. Se calcularon frecuencias alélicas y genotípicas. Para el análisis de asociación genética, se ajustaron modelos de regresión logística según los modelos de herencia. Se encontraron diferencias significativas al comparar el grupo de casos y controles. La variante rs662799 se asoció significativamente con hipertrigliceridemia (OR=3,89) y con DA (OR=4,01) en el modelo sobredominante. Para la variante rs5070 se encontró un efecto protector contra la hipertrigliceridemia en el modelo de riesgo-aditivo (OR=0,68) al igual que para la variante genética rs5072 (OR=0,55). La variante genética rs662799 se asoció con el riesgo a presentar hipertrigliceridemia y DA. Por otro lado, el rs5070 y rs5072 mostraron una asociación protectora con la hipertrigliceridemia en menores del Sur-Sureste de México.

Financiamiento: Consejo Nacional de Humanidades Ciencia y Tecnología, Proyecto 2016-01-2697; Saberes en Practica A.C. 2023

GPE 4

EXOMA COMPLETO EN ETNIAS ANDINAS Y AMAZÓNICAS DE COLOMBIA: ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y LA SUSCEPTIBILIDAD A ENFERMEDADES COMPLEJAS

Criollo-Rayó A.¹, M.E. Bohórquez², G. Collazos Alvarez², A.C. Rubio-Vargas¹, D. Molina-Campos¹, F. Castro-Valencia¹, A. Estrada-Florez^{1,3}, A. Centro-Sur², L.G. Carvajal-Carmona^{1,3}, M.M. Echeverry De Polanco¹.

¹Grupo de Citogenética Filogenia y Evolución de Poblaciones (GCFEP), Facultad de Ciencias y Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Tolima, Colombia; ²Ciencias, Biología, Universidad de la Amazonía, Colombia; ³Bioquímica y Medicina Molecular, Genome Center, Universidad de California, Davis, USA.

alcriollora@ut.edu.co

Colombia es el segundo país con más etnias amerindias en América. Estudios previos analizaron la susceptibilidad de los nativos americanos al cáncer y la diabetes respecto a otras poblaciones continentales. Por ello, el objetivo del presente trabajo fue identificar variantes de susceptibilidad a enfermedades crónicas no transmisibles y errores innatos del metabolismo a partir de una muestra de cuatro grupos indígenas colombianos. Se secuenció el exoma completo de 86 individuos autoreconocidos como nativos americanos, localizados en la región andina colombiana (Nasa=21, Pijao=26) y en la amazonía (Huitoto=18 y Koreguaje=21). Se identificaron 878.001 variantes anotadas con la herramienta Dragen, a partir de las cuales se obtuvieron 155.120 SNPs y 15.771 INDELS después del control de calidad. La región andina evidenció una mayor diversidad genética con más variantes exclusivas (Pijao=28.155, Nasa=15.212), en comparación con las etnias amazónicas (Huitoto=10.589, Koreguaje=6.679), sin embargo, 73.889 fueron comunes para las cuatro etnias. La ancestralidad genética basada en todos los SNPs autosómicos determinó un componente ancestral nativo americano promedio en la muestra amazónica (Huitoto=0,91±0,15; Koreguaje=0,98±0,057) mayor que en indígenas andinos (Pijao=0,83±0,11; Nasa=0,91±0,06). Finalmente, el análisis del exoma encontró 25 variantes vinculadas con enfermedades crónicas no transmisibles como diabetes, enfermedades cardiovasculares, así como también errores innatos del metabolismo; estas variantes fueron previamente reportadas en la literatura y en bases de datos como el catálogo de GWAS, DisGeNET, OMIM y Pubmed. En conjunto, estos datos indican una diversidad genética relacionada con la distribución biogeográfica de las etnias, aunado a un posible riesgo genético variable para cada comunidad evaluada.

Financiamiento: Proyecto “Factores Genéticos Asociados al Riesgo de Enfermedades Complejas, en Comunidades Indígenas de Tolima y Caquetá” (código 40621), de Universidad del Tolima financiado por el SGR y MiNCIENCIAS código BPIN 2020000100299; laboratorio Carvajal-Carmona del Genome Center de la Universidad de California, Davis

GPE 5

EXPLORACIÓN DE LA CARGA GENÉTICA EN SIETE COMUNIDADES WAYUÚ UTILIZANDO EXOMA COMPLETO

Rubio-Vargas A.C.¹, D.F. Molina-Campos¹, L.G. Carvajal-Carmona^{1,2}, M.E. Bohórquez¹, M.M. Echeverry De Polanco¹.

¹Grupo de Citogenética Filogenia y Evolución de Poblaciones (GCFEP), Facultad de Ciencias y Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Tolima, Colombia;

²Bioquímica y Medicina Molecular, Genome Center, Universidad de California, Davis, USA. acrubiov@ut.edu.co

La etnia Wayuú localizada en La Guajira, Colombia, ha experimentado procesos de deriva genética, asociados a sucesivas migraciones fundadoras, asentamientos en comunidades parcialmente aisladas, en zonas áridas de difícil acceso y uniones consanguíneas, propias de su estructura familiar y cultural. Estos procesos favorecen un incremento de la endogamia, que impacta los índices de mortalidad materna, neonatal e infantil y, por ende, la idoneidad media poblacional de las comunidades. El objetivo de este trabajo fue analizar las variantes deletéreas en el exoma de 30 individuos Wayuú de siete comunidades y explorar su posible impacto en la idoneidad media de la población. Se establecieron los familiogramas, se seleccionaron los 30 individuos menos consanguíneos, se realizó extracción y cuantificación de ADN, secuenciación del exoma a una profundidad de 100x, mapeo, alineamiento y llamado de variantes con Dragen, y control de calidad con la herramienta vcftools. Como resultado se obtuvieron 127.674 SNVs y 11.422 INDELS anotados en VEP; 292 variantes fueron reportadas como de alto impacto: 40 de cambio de marco de lectura, 96 en sitio de empalme, 50 de pérdida del codón de inicio o parada y 105 de ganancia de codón de parada; 20.288 variantes fueron anotadas con de impacto moderado. Las variantes se filtraron de acuerdo con su reporte en ClinVar, con CADD>20, y se consultaron en la base de datos FRANKLIN. Finalmente, se obtuvo un reporte de 56 variantes de significado incierto (VUS) – probablemente patogénico y patogénico -. El análisis permitió identificar variantes en genes *MTMR11* y *RYR2* asociados a errores innatos del metabolismo y fenotipo cardiovascular.

Financiamiento: Proyecto “Factores Genéticos Asociados al Riesgo de Enfermedades Complejas, en Comunidades Indígenas de Tolima y Caquetá” (código 40621), Universidad del Tolima, financiado por el SGR y MiNCIENCIAS código BPIN 2020000100299; Laboratorio LCC, Universidad de California, Davis

GPE 6

ESTUDIO DE MARCADORES UNIPARENTALES MATERNOS EN POBLACIONES ACTUALES Y ANTIGUAS DEL NORTE ÁRIDO DE CHILE

Moraga Vergara M.^{1,2}, M. Orellana Soto¹, C. De La Fuente¹, C. Bravi³, M. Reyes¹, D. Castillo¹. ¹Programa de Genética Humana, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile; ²Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile, Chile; ³Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, CCT-La Plata (CONICET-CICPA-UNLP), Argentina. mmoraga@uchile.cl

Este estudio se enmarca en un proyecto mayor que busca describir la diversidad genómica de las poblaciones arcaicas costeras del norte árido de Chile, evaluando sus vínculos ancestrales y su relación genética con otras poblaciones antiguas y actuales de la región. Presentamos los resultados de la caracterización de haplogrupos de mtDNA para muestras actuales de la región norte de Chile y resultados preliminares de mitogenomas de muestras antiguas de los valles de Azapa, Lluta y Camarones, de modo de establecer poblaciones de referencia para el estudio de las poblaciones arcaicas costeras. Para las muestras actuales se utilizó secuenciación Sanger de D-loop completo y para las muestras antiguas secuenciación NGS de baja cobertura, rescatándose solo *reads* mapeados al genoma mitocondrial. Se obtuvieron secuencias completas de la región control del mtDNA para 459 muestras del norte de Chile (regiones de Arica y Parinacota, 212; Tarapacá 116; Antofagasta, 82; Atacama, 49). Se detectaron frecuencias elevadas del haplogrupo B2 (entre 44,3% y 22,4%), y la presencia de variantes restringidas al altiplano (B2ag, B2ai y B2aj). Los linajes B2i2, C1b13 y D1g, propios del centro sur de Chile fueron escasos. Se obtuvo también un total de 10 mitogenomas parciales de muestras antiguas (sitios Azapa 75, Azapa 71, Camarones 9, Lluta 54). Dos de haplogrupo A2+(64) y seis de haplogrupo B2, consistente con lo observado en población actual. Los resultados sugieren vínculos por línea materna entre las poblaciones actuales del norte de Chile, del altiplano y las muestras antiguas de los valles de Azapa, Lluta y Camarones.

Financiamiento: Proyectos ANID Fondecyt 1181889, 1231815

GPE 7

DIVERSIDAD Y DISTRIBUCIÓN DE ANCESTRÍA A LO LARGO DEL GENOMA DE LA POBLACIÓN URUGUAYA

Pereyra S.¹, M. Cappetta¹, L. Brignoni¹, C. Bonilla², B. Bertoni¹.
¹Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de la República, Uruguay; ²Departamento de Medicina Preventiva, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, Brasil. bbertoni@fmed.edu.uy

El proceso histórico demográfico del Uruguay posee características particulares que lo distinguen del resto de América. Una colonización y conquista forzada llevó a tener una población mestiza, de una marcada forma direccional, con un aporte materno básicamente nativo americano (30-70% dependiendo de la región del país) y un aporte paterno casi exclusivamente europeo (95-99%), resultando en un aporte europeo de 70-89% a nivel autosómico. Estos datos se basan en paneles de marcadores genéticos diseñados específicamente para el cálculo de ancestría. Nos proponemos analizar cómo es la estructura genómica y cómo varía por región cromosómica con respecto a los valores promedio de la población. En este trabajo secuenciamos a 30 mujeres de la población uruguaya mediante la técnica de *low pass whole genome sequencing* y se desarrolló un protocolo de análisis. Luego del filtrado por $MAF > 5\%$ y desequilibrio de ligamiento, se compararon 593.500 SNPs con los datos de todas las poblaciones de 1000 genomas. El análisis de estructuración por componentes principales mostró una clara distribución de una población híbrida, con una fuerte asociación con las poblaciones europeas. Esto es concordante con estudios previos realizados con marcadores de ancestralidad. Por otro lado, al analizar la variabilidad a lo largo del genoma, se encontraron regiones cromosómicas con patrones divergentes de ancestría. La identificación de desvíos de bloques de ancestría local en el genoma de la población uruguaya nos permitirá buscar señales de selección natural reciente e investigar su potencial asociación con enfermedades.

Financiamiento: Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

GPE 8

GENÓMICA DE CONSERVACIÓN DE OVEJAS DEL PANTANAL DE MATO GROSSO DO SUL, BRASIL

Bajay M.M.¹, L.A. De Sousa¹, F.D.A.D. Sobrinho², A.M. De Araujo³, R.S. Juliano³, F.M. De Vargas Junior⁴. ¹University of the State of Santa Catarina, Brasil; ²Federal University of Piauí, Brazil; ³Embrapa Pantanal, Brazilian Agricultural Research Company, Brazil; ⁴Federal University of Grande Dourados, Brazil. mmbajay@gmail.com

La oveja perteneciente a la región del Pantanal del estado de Mato Grosso do Sul en Brasil es de gran interés por ser una especie que se ha adaptado al ambiente de llanura inundada y a condiciones climáticas únicas. El objetivo de esta investigación fue llevar a cabo un análisis genético en profundidad de los genomas de las ovejas del Pantanal mediante la genotipificación con GGP50k SNP. Todos los análisis de los datos obtenidos se realizaron utilizando el lenguaje de programación R, mediante la implementación de paquetes. Se investigaron la diversidad (adegenet y poppr), la estructura genética (StAMPP) y las series de homocigosidad (detectRUNS) de estos animales. Se identificaron SNP atípicos mediante tres metodologías diferentes: PCAdapt, OutFLANK y FDist2/fsthet, utilizando correcciones FDR, observando posibles regiones que están bajo selección natural, y se realizaron comparaciones entre las razas Pantanal y una comercial llamada Texel. Se observó estructura genética entre razas ($F_{ST}=0,1$) y mayor endogamia en Texel ($F_{IS}=0,151$ (0,150-0,153) en comparación con Pantanal ($F_{IS}=0,082$ (0,080-0,084)), esto último debido a que Texel es un rebaño más controlado. Fueron identificados genes asociados con SNP *outliers* y se relacionaron con el crecimiento del pelaje y la regeneración de tejidos (gen *FGF12*), el control de la pigmentación (gen *OCA2*) y la capacidad muscular (gen *TPM1*). El estudio contribuye al esclarecimiento genómico de ovejas del Pantanal, demostrando la riqueza genética presente en estos animales.

Financiamiento: Proyecto FUNDECT No. 355/2022, SIAFEM No. 32366, "Conservación, desarrollo y consolidación del rebaño ovino del Pantanal como la primera raza genuinamente matogrossiana del sur"

GPE 9

INSIGHTS INTO EVOLUTION, GENOMICS, AND BIOGEOGRAPHY OF *Pudu puda*, THE SMALLEST DEER IN SOUTH AMERICA

Pizarro González E.^{1,2,3,4}, C. Peñaloza Valenzuela^{1,2,3}, D. Cisternas Espinosa^{1,2}, F. Leon^{1,2,3,4}, E. González^{1,2,3,4}, P. Tapia^{5,6}, C. Meneses^{5,6}, E. Hidalgo⁷, P. Pliscoff^{3,8,9}, J. Vianna^{1,2,3,4}. ¹Facultad de Ciencias Biológicas, Instituto para el Desarrollo Sustentable, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile, Chile; ²Millennium Institute Center for Genome Regulation (CRG), Chile; ³Millennium Institute Biodiversity of Antarctic and Subantarctic Ecosystems (BASE), Chile; ⁴Millennium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi), Chile; ⁵Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile; ⁶Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile; ⁷Conservation and Research Department, Buin Zoo, Chile; ⁸Facultad de Historia, Geografía y Ciencia Política, Instituto de Geografía, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile; ⁹Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile. eduardo.pizarro@uc.cl

The South American Temperate Forest biogeography was greatly shaped by glacial cycles, sea level and landmasses dynamics, resulting in remarkable biodiversity. The smallest South American deer, the *putú* (*Pudu puda*), inhabits both continental and insular regions of this ecosystem and is currently under severe threat from human activities. Despite its conservation concerns, little is known about its evolutionary history and its genomic distinctiveness. To address this knowledge gap, we sequenced the genomes of five *putú* samples throughout its distribution range, and analyzed the species' evolutionary, biogeographic and genomic patterns. Using Pairwise Sequentially Markovian Coalescent (PSMC) analysis, we reconstructed the demographic history of the species and assessed signals of selection relative to other cervids. Our results reveal lower genetic diversity in the Chiloé Island population compared to the mainland population. Furthermore, genetic differentiation between mainland and insular populations indicates substantial divergence, supporting the hypothesis of two distinct subspecies: one insular and one continental. These findings are consistent with previous studies suggesting ancient connectivity between the island and the mainland, followed by prolonged separation during interglacial periods. This research not only provides new insights into the evolutionary dynamics and genetic structure of the *putú* but also enhances our understanding of the biogeographic processes influencing genetic diversity in species distributed across insular and continental environments.

Funding: ANID "Programa Iniciativa Milenio" ICN2021_044 (CGR), ICN2021_002 (BASE), and NCN2021-050 (LiLi); BASAL CATA PFB-06, the Anillo ACT-86, FONDEQUIP AIC-57, and QUIMAL 130008

GPE 10

REVISIÓN DEL ALCANCE DE LA GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN EN AVES DE LA FAMILIA TROCHILIDAE

Mojica Candela D.¹, J. Rueda², F. Rondón gonzález¹. ¹Grupo de Investigación en Microbiología y Genética, Laboratorio de Genética y Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad Industrial de Santander (UIS), Colombia; ²Grupo de investigación Ciencia de Materiales Biológicos y Semiconductores (CIMBIOS), Facultad de Salud, UIS, Colombia. danielajmojica@gmail.com

La genética de la conservación (GC) busca reducir el riesgo de extinción de especies y poblaciones amenazadas. Anualmente se publican muchos artículos que pueden suponer la oportunidad de realizar revisiones de alcance sobre el tema en taxones específicos. La familia Trochilidae (colibríes) destaca por su diversidad taxonómica, funcional y rol ecológico como polinizadores. Información relacionada con GC de este grupo de aves se encuentra dispersa en múltiples revistas especializadas, esto evidencia la necesidad de organizar y compilarla. Por lo expuesto se realizó una revisión de alcance adoptando la metodología del *Joanna Briggs Institute*, para identificar qué se conoce de GC en especies de colibríes. Se incluyeron estudios experimentales o bioinformáticos en español, inglés y portugués realizados con muestras de tejido o secuencias de ADN de especies de Trochilidae. Los estudios recuperados proceden de las bases de datos ProQuest One, Science Direct, Scopus y Web Of Science, el buscador Google Scholar y el portal PubMed. Dos revisores independientes evaluaron títulos, resúmenes y textos completos de los estudios, conforme a los criterios de inclusión establecidos. Las discrepancias surgidas se solucionaron a través de diálogos entre ellos. Diez estudios fueron incluidos de 846 recuperados. El tema más abordado fue la medición de la diversidad genética, seguido de la diferenciación poblacional. Coalescencia, tiempo de divergencia, filogeografía y unidades taxonómicas fueron menos reportados. En los estudios no se consideraron estimaciones del tamaño efectivo de la población. Esta revisión sintetiza las aportaciones al campo de la conservación de las poblaciones de colibríes desde una perspectiva genética.

GPE 11

FILOGEOGRAFÍA DEL MULATO AZUL (AVES: *Melanotis caerulescens*): UNA DOBLE COLONIZACIÓN DEL ARCHIPIÉLAGO TRES MARÍAS, MÉXICO

Muñoz-Gonzalez Z.A.G.^{1,2}, F. Rodríguez-Gómez², R. Canales-del-Castillo³, J. Pérez-Alquicira⁴, M.M. Ramírez-Martínez⁵, E. Ruiz-Sánchez⁴.
¹Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias (CUCBA), Universidad de Guadalajara (UdeG), México; ²Laboratorio de Análisis de la Biodiversidad y Genómica (LABIOGEN), Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías (CUCEI), UdeG, México; ³Laboratorio de Biología de la Conservación y Desarrollo Sustentable, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, México; ⁴Laboratorio Nacional de Identificación y Caracterización Vegetal (LaniVeg), Instituto de Botánica, CUCBA, UdeG, México; ⁵Centro Universitario de la Costa Sur, Ciencias de Salud y Ecología Humana, UdeG, México.
 arerybird@gmail.com

Las poblaciones insulares pueden ser útiles como modelos para entender los efectos de las oscilaciones climáticas del Pleistoceno en las colonizaciones insulares, así como la estructura poblacional de plantas y animales. El mulato azul (*Melanotis caerulescens*) es un ave endémica de México que cuenta con dos subespecies: *M. caerulescens longirostris* en el Archipiélago de Tres Marías (ATM) y *M. caerulescens caerulescens* en el continente. Nuestro objetivo fue evaluar la filogeografía del mulato azul y determinar la diferenciación genética entre subespecies. Secuenciamos el gen del ADN mitocondrial ND2 de 81 individuos de todo el rango de distribución de la especie. Realizamos análisis filogeográficos para evaluar la variación genética y análisis filogenéticos para evaluar la diferenciación subespecífica. Además, inferimos los tiempos de divergencia utilizando análisis bayesianos para determinar los tiempos de colonización del ATM. Nuestros resultados indican que las subespecies son parafiléticas con cuatro grupos genéticos: dos continentales y dos insulares. Los datos sugieren una estructura poblacional continental con una ruptura filogeográfica correspondiente a la Cuenca del río Balsas. Mientras que los grupos insulares se explican por dos eventos de colonización independientes durante las glaciaciones del Pleistoceno hace ~250 mil años y ~340 mil años. Esto sugiere que los ciclos glaciales desempeñaron un papel importante en la historia natural de la comunidad de aves terrestres del ATM, donde los cambios en el nivel del mar influyeron en diversos patrones de colonización. La disminución del nivel del mar facilitó las conexiones isla-continente para algunas especies como el mulato azul.

Financiamiento: Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT, no. 706637); PROINPEP (BEMARENA) de la Universidad de Guadalajara

GPE 12

ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS DOS POBLACIONES EXISTENTES DE *Atelopus cruciger* EN VENEZUELA

Márquez Molina I.^{1,2}, A.J. Crawford³, M. Lampo⁴. ¹Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Universidad Central de Venezuela, Venezuela; ²Museo de Historia Natural La Salle, Fundación La Salle de Ciencias Naturales, Venezuela; ³Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de Los Andes, Colombia; ⁴Fundación para el Desarrollo de las Ciencias Físicas, Matemáticas y Naturales, Venezuela.
 ingridmarquez7@gmail.com

Las ranas arlequines (Anura: Bufonidae: *Atelopus*) son un grupo de anfibios en el que la mayoría de sus especies están en alto riesgo de extinción. En Venezuela se han descrito nueve especies, pero únicamente se conocen poblaciones estables de *Atelopus cruciger*. Hasta la década de 1980, esta especie era uno de los anfibios más abundantes en los bosques montanos y arroyos de la porción central de la Cordillera de La Costa al norte de Venezuela. Sin embargo, a fines de la década de 1980, esta especie desapareció de la mayor parte de su área de distribución, fenómeno que coincidió con la aparición del hongo quítrido en especímenes de museo recolectados en la zona. A pesar de los continuos esfuerzos para encontrar estas ranas en sus antiguos hábitats, solo se conocen dos subpoblaciones. En este estudio, se analizaron once muestras de tejido de la subpoblación Cuyagua y ocho de la subpoblación Cata. Se extrajo ADN y luego se realizaron ensayos PCR utilizando fragmentos de ADN mitocondrial del gen *16S*. Se logró amplificar, cuantificar y secuenciar el ADN. En el análisis de las secuencias no se evidenciaron diferencias genéticas significativas entre las subpoblaciones evaluadas. De las 563 bases analizadas, sólo un ejemplar de la localidad Cuyagua divergió en una base mutada (0,2%) con respecto a sus congéneres de Cuyagua y de Cata. Este estudio proporciona información genética necesaria en el diseño y manejo de planes de conservación enfocados en la cría *ex situ* y reintroducción de esta especie.

Financiamiento: Academia de Ciencias de América Latina (ACAL); Laboratorio Biomics de la Universidad de Los Andes, Bogotá Colombia

GPE 13

CARACTERIZACIÓN DE LA ESTRUCTURA POBLACIONAL DEL GATUZO *Mustelus schmitti* Y SU ESTRATEGIA REPRODUCTIVA EN AGUAS URUGUAYAS

Ariosa S.¹, F. Mas², I. Pereyra³, M. Laporta³, S. Silveira³, N. Ríos¹. ¹Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay; ²Laboratorio de Recursos Pelágicos, Dirección Nacional de Recursos Acuáticos (DINARA), Uruguay; ³Unidad de Gestión Pesquera Atlántica, DINARA, Uruguay. sariosa@fcien.edu.uy

El gatujo, *Mustelus schmitti*, es un tiburón endémico de la costa suroeste del Océano Atlántico y un importante recurso para la pesca artesanal e industrial, cuya explotación ha llevado a su clasificación actual como especie críticamente amenazada por la IUCN (*International Union for Conservation of Nature*). Estudios previos utilizando un marcador mitocondrial sugieren que *M. schmitti* en la costa uruguaya conformaría una única población con baja diversidad genética. Dado el estado de conservación de la especie y la ausencia de estudios basados en marcadores nucleares robustos, nos propusimos caracterizar la estructura poblacional de *M. schmitti* y su estrategia reproductiva empleando un panel de marcadores microsatélite. Se analizaron 11 microsatélites en 20 individuos de la costa atlántica uruguaya y Río de la Plata. Un total de nueve loci resultaron polimórficos, con diversidad en el rango de dos a siete alelos por locus (promedio: 2,63). El análisis bayesiano de la estructura poblacional indicó que la especie se comportaría como una población panmíctica. La diversidad genética en términos de la heterocigosidad esperada promedio fue de 0,457 (variando entre 0,097 y 0,778). El análisis de siete familias, basado en cuatro microsatélites, evidenció un caso de poliandria. Esta estrategia reproductiva podría contribuir al aumento de la diversidad genética y del tamaño efectivo poblacional, así como a la disminución de la endogamia, resultando una posible ventaja adaptativa ante eventos de cuello de botella. El presente estudio constituye un insumo fundamental para el planteo de estrategias de conservación y manejo de la especie.

Financiamiento: Fondo Vaz Ferreira 2023

GPE 14

INFLUENCE OF FINE-SCALE ENVIRONMENTAL VARIABILITY IN GENETIC STRUCTURE OF NATURAL AND FARMED POPULATIONS OF *Mytilus chilensis* IN NORTHERN PATAGONIA, CHILE

Gonzalez-Salinas C.^{1,2}, B.R. Broitman^{2,3}, P.A. Haye^{1,2}, N.I. Segovia^{1,2}. ¹Ciencias del Mar, Biología Marina, Universidad Católica del Norte-Coquimbo, Chile; ²Instituto en Socio-Ecología Costera (SECOS), Chile; ³Artes Liberales, Ciencias, Universidad Adolfo Ibañez, Chile. nsegoviac@gmail.com

Across a relatively small geographic scale and spread over a highly heterogeneous environment, the Chilean northern Patagonia (NP) wild populations of the mussel *Mytilus chilensis* and its aquaculture industry integrate a sensitive social-ecological system. The industry relies on the capturing of propagules (seeds) from the wild, their transportation to growing centers and their cultivation at high densities under different environmental conditions. Hence, the selective processes under cultivation could be different from those in natural populations. Given the relevance of natural beds, it is crucial to evaluate the dynamics of the genetic structure between natural and cultivated populations. We studied the Reloncaví system, located at the northwestern of NP. Ninety-two individuals from natural and cultivated populations from the sound (Bahía Ilque) and the fjord (Chaparano) were sequenced using Genotyping-By-Sequencing. The fjord, with high freshwater inflow, is a major seed collection area over the NP, including Bahía Ilque, which experiences more marine conditions. 97,722 SNPs were obtained, aligned with a reference genome. We found low-to-moderate genetic structure with 18 putatively adaptive loci, suggesting a strong effect of genetic flow and a weak effect of local adaptation. However, with putatively adaptive loci, individuals cultivated in Chaparano showed significant genetic differentiation even compared to the natural population of the same locality, difference correlated with salinity range, and maximum temperatures between locations, and within locations at different depths. These findings represent the first evidence that cultivation conditions may be driving selective pressures, leading to genetic differentiation between cultivation areas, even in environments similar to those of natural populations.

Funding: Proyect FONDECYT INICIACIÓN 11220913, Instituto Milenio SECOS ICN2019_015

GPE 15

DIVERSIDAD GENÓMICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL EN PECES CRÍPTICOS DEL GOLFO DE CALIFORNIA: IMPACTO DE EVENTOS HISTÓRICOS Y PROCESOS CONTEMPORÁNEOS

De Jesús-Bonilla V.S.¹, F. Valenzuela Quiñonez¹, C. Mac Loughlin¹, A. Quintero Grijalva², N. Hernández Saavedra¹, S. El Khattabi Salazar¹. ¹Programa de Ecología Pesquera, Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste S.C., México; ²Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, México. kmxtli@gmail.com

Eventos paleoclimáticos y geológicos han influido en el flujo génico entre poblaciones, y procesos actuales, como las corrientes oceánicas y el clima, pueden actuar como barreras al flujo génico o promover la divergencia y adaptación local. Comprender estos procesos es esencial para la conservación de la biodiversidad marina. Los peces crípticos, componentes significativos de los ecosistemas marinos, especialmente en arrecifes coralinos y rocosos, son modelos ideales para estudiar el efecto del paisaje marino y procesos eco-evolutivos en la diversidad genómica. En este estudio multiespecies se generaron datos genómicos utilizando la técnica ddRAD-Seq para los peces *Elacatinus punctulatus*, *Acanthemblemaria crockeri* y *Crocodilichthys gracilis* de localidades dentro del Golfo de California. Para cada especie se clasificaron los marcadores SNPs en neutrales y *outliers*, candidatos a selección. Se encontró un patrón compartido en el que ambos tipos de marcadores mostraron estructura poblacional, con dos grupos principales en el norte y sur del Golfo de California. Se observó una correlación significativa entre la distancia genética y geográfica, indicando aislamiento por distancia y flujo génico limitado entre poblaciones. Simulaciones demográficas sugieren un evento de divergencia antiguo y contacto posterior entre poblaciones. Las variables biofísicas, incluyendo características larvales, factores ambientales y corrientes oceánicas, probablemente influyen en la dispersión y conectividad. Asimismo, el análisis de asociación genómica ambiental indicó un posible escenario adaptativo vinculado a la temperatura del océano. Nuestro estudio muestra cómo eventos históricos y factores ambientales actuales influyen en la estructura genómica de las poblaciones de peces crípticos en el Golfo de California.

Financiamiento: Proyecto “Patrones convergentes evolutivos de adaptación local en el ambiente marino” (321016, CONAHCyT); Beca posdoctoral VSJB

GPE 16

PERSPECTIVA FILOGEOGRÁFICA Y DEMOGRÁFICA DEL CANGREJO HERRADURA AMERICANO (*Limulus polyphemus*) EN SU DISTRIBUCIÓN EN LA PENÍNSULA DE YUCATÁN, MÉXICO

García-Enríquez J.M.¹, S. Machkour-M'Rabet¹, Y. Hénaut¹, S. Calmé^{2,3}, J.M. Leshner-Gordillo⁴. ¹Departamento de Conservación de la Biodiversidad, El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR), México; ²Departamento de Observación y Estudio de la Tierra, la Atmósfera y el Océano (TAO), ECOSUR, México; ³Département de Biologie, Université de Sherbrooke, Canada; ⁴División Académica de Ciencias Biológicas, Centro de Investigación para la Conservación y Aprovechamiento de los Recursos Tropicales, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, México. jmanbio@gmail.com

Los xifosuros (Merostomata, Xiphosura), conocidos también como cangrejos herradura, son un grupo de quelicerados acuáticos, cercanamente emparentados a los arácnidos, que presentan una historia evolutiva antigua y diversa. En la actualidad solo existen cuatro especies, una de ellas, *Limulus polyphemus* Fabricius 1973, se distribuye en las costas del Atlántico de Norteamérica. En este proyecto abordamos la diversidad y estructura genética de *L. polyphemus* desde una perspectiva filogeográfica y evaluamos la historia demográfica en su distribución en la península de Yucatán, México. Para ello, secuenciamos un fragmento de 1.190 pb de la región COI del ADNmt para 154 individuos provenientes de ocho localidades que representan el rango total de distribución de la especie en México. Entre nuestros principales resultados resaltó la identificación de 16 haplotipos, dispuestos en una red de haplotipos con un patrón estrellado, valores de diversidad haplotípica moderados ($h=0,447$) y de diversidad nucleotídica bajos ($\pi=0,00005$). Los valores de los índices demográficos F_s de F_u ($F_s=-3,664$, $p<0,05$) y D de Tajima ($D=-1,999$, $p<0,05$), así como el análisis de las distribuciones *mismatch* ($r=0,1067$, $p>0,05$) muestran evidencia de expansión poblacional. El análisis bayesiano de *Skylineplot* señala una expansión poblacional constante durante los últimos 75.000 años. Estos patrones filogeográficos y demográficos podrían estar relacionados con eventos climáticos que generaron cambios en la distribución de esta especie durante los últimos dos millones de años.

Financiamiento: Beca otorgada por *The Rufford Foundation* (39193-1)

GPE 17

FILOGEOGRAFÍA DE *Aegla* spp. EN CUENCAS DE URUGUAY

Etchemendy M.¹, C. Clavijo², N. Ríos¹. ¹Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay; ²Vida Silvestre, Uruguay. metchemendy@fcien.edu.uy

Los crustáceos dulceacuícolas del género *Aegla* (Aegliidae) son endémicos de América del Sur. El género tiene 94 especies descritas de las cuales cuatro están presentes en Uruguay: *Aegla platensis*, *Aegla prado*, *Aegla uruguayana* y *Aegla carinata*. La morfología de *Aegla* es muy conservada y los caracteres diagnósticos son limitados, lo que dificulta la discriminación entre especies estrechamente emparentadas y conlleva a que la diversidad de este género podría estar subestimada. En este sentido, estudios recientes en *Aegla* basados en el marcador mitocondrial citocromo oxidasa I (COI) evidenciaron complejos de especies conformados por varias especies crípticas. Con el objetivo de evidenciar el patrón de diferenciación genética del género *Aegla* en las cuencas de Uruguay, realizamos un análisis filogeográfico basado en el marcador COI. Los 100 ejemplares analizados en este trabajo pertenecen a seis linajes mitocondriales de *Aegla*. Se muestrearon las localidades tipo para *A. prado* (Prado, Montevideo), *A. carinata* (Cuñaipirú, Rivera) y *A. uruguayana* (El Edén, Maldonado). Se encontraron dos linajes dentro de la localidad tipo de *A. uruguayana*, mientras que en el resto de las localidades tipo se encontró sólo uno. De acuerdo a la identificación taxonómica de las secuencias obtenidas del *genbank*, *A. platensis* estaría conformado por un linaje monofilético, *A. uruguayana* por dos y *A. prado* por uno; los dos linajes restantes poseen ejemplares identificados como *A. uruguayana* y *A. platensis*. Estos resultados evidencian la necesidad de una revisión morfológica de estas especies y de extender el análisis a marcadores nucleares para evaluar posibles evidencias de introgresión.

GPE 18

DESARROLLO DE UN PANEL DE MICROSATÉLITES EN *Cyanocyclus limosa* (BIVALVIA) PARA SU APLICACIÓN EN ESTUDIOS DE CONSERVACIÓN

Altieri A.¹, M. Gutierrez¹, S. Ariosa¹, M. Etchemendy¹, C. Clavijo², N. Ríos¹. ¹Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay; ²Vida Silvestre, Uruguay. aaltieri@fcien.edu.uy

Cyanocyclus limosa es un bivalvo dulceacuícola prioritario para la conservación según el Sistema Nacional de Áreas Protegidas de Uruguay. La reducción del 90% en su distribución actual y la falta de claridad sobre su mecanismo de reproducción motivan esta iniciativa. Nuestro objetivo consistió en desarrollar marcadores moleculares de tipo microsatélites específicos para la especie, esenciales para evaluar la diversidad genética y clarificar si la especie se reproduce a través de autofecundación o lo hacen mediante fecundación cruzada. Se emplearon técnicas de secuenciación masiva para acceder parcialmente al genoma de *C. limosa*, permitiendo el diseño y síntesis de 23 oligonucleótidos para amplificar estos marcadores. Un panel de 10 *loci* microsatélites polimórficos fueron evaluados en una muestra poblacional de 20 individuos provenientes del río Daymán. El número de alelos por locus varió de 2 a 9 (promedio de 4,7). La heterocigosidad esperada promedio fue 0,6 (variando entre 0,414 y 0,828). Tres *loci* mostraron un apartamiento significativo del equilibrio de Hardy-Weinberg, lo que podría deberse a una característica del marcador desarrollado o a un efecto poblacional. La probabilidad combinada de exclusión de un progenitor falso para este conjunto de *loci* conociendo un parental fue 0,99. En este proyecto se desarrolló un panel de siete marcadores microsatélites robustos que serán de utilidad para el análisis de la estructura poblacional y para poner a prueba la hipótesis de autofecundación. Los resultados de estos análisis servirán de insumo para el desarrollo de programas de conservación adecuados para este grupo de bivalvos nativos.

Financiamiento: PAIE – CSIC

GPE 19

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Cyanocyclas guahybensis* EN EL SISTEMA DE CUENCAS PATOS-MERÍN

Altieri A.¹, G. Beldarrain², N. Ríos¹, C. Clavijo³. ¹Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay; ²Treinta y Tres, Instituto de Formación Docente, Uruguay; ³Vida silvestre, Uruguay. aaltieri@fcien.edu.uy

El género de bivalvos dulceacuícolas, *Cyanocyclas*, tiene una compleja historia taxonómica. En Uruguay hay cinco especies válidas para este género y su distribución se ha reducido al 7% en comparación con el registro histórico. *Cyanocyclas guahybensis* especie endémica del sistema Patos-Merín está presente en la actualidad sólo cinco localidades: dos en Laguna Merín (Arnaud y Paso del Gringo) y tres en Laguna Dos Patos (Quadros, Peixoto y Veludo). El objetivo de este trabajo fue analizar la diversidad genética en las poblaciones de *C. guahybensis*. Realizamos un análisis filogeográfico basado en secuencias del gen mitocondrial citocromo oxidasa I. Dentro de los 25 individuos analizados (Arnaud 10, Paso del Gringo 5, Quadros 3, Peixoto 4, Veludo 3), se identificaron seis haplotipos, uno compartido entre las poblaciones de Laguna Dos Patos y cinco para las poblaciones de la Laguna Merín. Los haplotipos de ambas cuencas se diferencian en dos pasos mutacionales. En las poblaciones de la Laguna Merín, los cinco haplotipos difieren todos por un único paso mutacional. La diversidad haplotípica y nucleotídica en la población de Arnaud fue 0,733 y 0,002, respectivamente, mientras que en Paso del Gringo fue 0,400 y 0,001. Este trabajo evidenció que las poblaciones de Laguna Merín tienen una diversidad genética mayor que las poblaciones de Laguna Dos Patos, donde no se observó variación en el marcador molecular utilizado. Estos resultados son insumos importantes para desarrollar planes de conservación de esta especie.

GPE 20

OJOS QUE NO VEN, ADN QUE SIENDE: USO DEL BARCODING PARA ANALIZAR COMUNIDADES DE MIRIÁPODOS EN ESPACIOS VERDES DE MONTEVIDEO

Carbonell Betancor A.^{1,2}, C. Rojas Buffet², L. Bidegaray-Batista¹. ¹Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales, Departamento de Biodiversidad y Genética, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; ²Sección Entomología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay. acarbonell@fcien.edu.uy

El Subphylum Myriapoda (Arthropoda) se compone de las clases Chilopoda, Diplopoda, Symphyla y Pauropoda. Se trata de un grupo muy diverso y con roles ecológicos importantes en ambientes terrestres debido a los servicios ecosistémicos que brindan y a su potencial como bioindicadores. A pesar de su importancia ecológica se trata del grupo de artrópodos poco estudiado mundialmente. La utilización del *barcoding* para la delimitación de especies resulta óptima para este grupo debido a la similitud morfológica entre especies, la escasez de claves taxonómicas y lo subestudiado que se halla en el Neotrópico. También permite la identificación de especies exóticas en el país y cuantificar la diversidad genética de diferentes ambientes. El objetivo de este trabajo fue caracterizar y comparar comunidades de miriápodos en dos espacios verdes urbanos y dos rurales de Montevideo, Uruguay, en dos estaciones (invierno y primavera). Se realizó colecta manual y se identificaron inicialmente en morfoespecies para luego secuenciar el gen mitocondrial citocromo oxidasa c subunidad 1 (COX1) de dos individuos de cada morfoespecie en cada espacio. Se determinaron 24 morfoespecies integrando la información morfológica y de *barcoding*, de las cuales siete resultaron ser especies exóticas. En los espacios verdes urbanos más de dos tercios de los individuos pertenecieron a especies exóticas, en el caso de los espacios rurales menos de un cuarto fueron especies exóticas. Los espacios rurales presentaron una mayor diversidad filogenética que los espacios urbanos. Los resultados de este trabajo ofrecen una contribución al conocimiento de miriápodos en Uruguay, además de posibles acciones de conservación hacia este grupo.

GPE 21

EVOLUCIÓN DE CUATRO CLINAS ROBERTSONIANAS PARALELAS EN DOS ESPECIES DE SALTAMONTES EN FUNCIÓN DE LA DISMINUCIÓN DIFERENCIAL DE QUIASMAS

Colombo P.¹. ¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. pablocescolombo@gmail.com

Las fusiones cromosómicas polimórficas reducen la disyunción independiente y la frecuencia de quiasmas en los heterocigotas y -a diferencia de las inversiones cromosómicas- en los homocigotas de fusión también. La hipótesis de “supergenes coadaptados” de Dobzhansky, que implica supresión de la recombinación y epistasis, fue muy influyente entre los citogenetistas. Un modelo reciente -la “adaptación local”- propone que la reducción de la recombinación entre alelos localmente adaptados es central para el destino ulterior del reordenamiento, sin epistasis. Una fusión puede alcanzar fijación, pérdida o polimorfismo equilibrado según si la disminución de la recombinación es mayor en homocigotas que en heterocigotas o al revés. Aquí revisitamos nuestro estudio de distribución de quiasmas de dos especies neotropicales de saltamontes con cuatro clinas Robertsonianas entre las latitudes 31°S y 34°S: *Leptysmia argentina*, y el probable control biológico de la plaga de agua dulce *Pontederia crassipes*, el saltamonte *Cornops aquaticum*. Comparamos la redistribución de quiasmas en trivalentes y bivalentes de fusión en ambas especies y consideramos los resultados de un previo estudio de microsatélites en *C. aquaticum* a la luz del modelo de adaptación local. Concluimos que los tres polimorfismos de fusión de *C. aquaticum* serían transitorios debido a adaptaciones locales en ambientes deltaicos río abajo; la clina se debería a la migración de portadores de las fusiones aguas arriba. La clina de *L. argentina* es coincidente, y los estudios de coalescencia arrojarán luz sobre esta cuestión. Cuatro clinas Robertsonianas similares en dos especies estrechamente relacionadas es un hecho que reclama una explicación.

Financiamiento: Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (PICT 2018-02567), Argentina

GPE 22

RESPUESTA CORRELACIONADA SOBRE CARACTERES DE CÓPULA EN LÍNEAS SELECCIONADAS PARA EL ÉXITO DE APAREAMIENTO EN ALTA TEMPERATURA EN *Drosophila buzzatii*

Sambucetti P.¹, F.H. Gómez¹, F.M. Norry¹. ¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y naturales, IEGEBA, CONICET-UBA, Argentina. pablosambucetti@ege.fcen.uba.ar

En los insectos, la capacidad de aparearse a temperaturas elevadas resulta relevante para la adaptación a ambientes sometidos a estrés térmico. La selección artificial para la termotolerancia es una herramienta útil para evaluar la adaptación térmica en este tipo de ambientes. En este trabajo examinamos la latencia y duración de la cópula en líneas de *Drosophila buzzatii* seleccionadas para aparearse en alta temperatura. Se midió el tiempo de latencia (tiempo que inicia la cópula) y la duración de la cópula en tres líneas seleccionadas (S) y tres de control (C) en tres condiciones térmicas: 25 °C y 33 °C sin pre-tratamiento de aclimatación, y 33 °C con un pre-tratamiento. Se observaron diferencias entre las líneas S y C en las tres condiciones térmicas. A 25 °C, las líneas C presentaron menor tiempo de latencia y mayor tiempo de cópula que las líneas S. Este patrón se invierte completamente a 33 °C. Al aplicar el pre-tratamiento las diferencias se vieron solo para la latencia, siendo menor para las líneas C. Los resultados muestran que la respuesta a la selección se debe tanto por una mejor performance en el tiempo de inicio como de permanencia en cópula. Sin embargo, esto repercute en la performance a temperatura benigna (25 °C). La aclimatación parece compensar la respuesta a la selección, ya que revierte la latencia y elimina las diferencias en la duración de la cópula a alta temperatura. Los presentes resultados aportan a la comprensión de cómo pueden evolucionar estos importantes componentes del *fitness* bajo el marco actual de calentamiento global.

Financiamiento: Proyecto PICT (Proyecto de investigación Científica y Tecnológica) de la Agencia Nacional de Promoción Científica y Técnica, ANPCyT. Código: PICT-2020-02765

GPE 23

COMPOSICIÓN, ESTRUCTURA Y POTENCIAL FUNCIONAL DE LA MICROBIOTA BACTERIANA DE UN ALGA ROJA

Ali Suarez V.^{1,2}, G. Rodríguez-Valdecantos^{1,3}, G. Parada^{1,3}, N. Trefault^{1,3}, C. Camus^{1,4}, M. Guillemin^{1,2}. ¹Núcleo Milenio de Agronomía Marina de Algas (MASH), Chile; ²Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ³Centro de Genómica, Ecología y Medio Ambiente, Universidad Mayor, Santiago de Chile, Chile; ⁴Centro i-Mar, Universidad de Los Lagos, Puerto Montt, Chile. vivianeguadalupe@gmail.com

Se ha demostrado que las interacciones alga – microbio están involucradas en aspectos vitales de las macroalgas, como la reproducción, la compleción del ciclo de vida y el desarrollo morfológico. A pesar de la importancia económica de éstas, el efecto de las prácticas de cultivo en su microbiota apenas empieza a explorarse. La agarófita *Gracilaria chilensis* (C.J. Bird, McLachlan & E.C. Oliveira, 1986) ha sido cultivada artesanalmente en las comunidades pesqueras de Chile durante décadas. En este trabajo nos propusimos obtener una imagen de la estructura y funcionalidad de la microbiota bacteriana asociada a *G. chilensis*, evaluando diferencias entre tres poblaciones cultivadas y tres no cultivadas, localizadas en Maullín, Puerto Montt y Chiloé en La Región de Los Lagos (Chile). Secuenciando el gen ribosomal 16S en 142 muestras de algas y 18 de sedimentos, se evidenció una diversidad mayor y composición específica de bacterias en las algas. Luego, se identificaron géneros bacterianos indicadores de *G. chilensis*, así como géneros bacterianos *keystone*, relevantes para la estructura de cada comunidad bacteriana. Mediante análisis de co-ocurrencia se infiere un número menor de interacciones bacteria – bacteria en poblaciones cultivadas, indicando una pérdida de la estructura natural en la microbiota bacteriana de *G. chilensis* sometida a prácticas de cultivo. Por último, se predijeron capacidades metabólicas relacionadas al Quorum Sensing, y a la biosíntesis y secreción de sustancias antimicrobianas, metabolitos secundarios y aminoácidos en las comunidades bacterianas de todas las poblaciones estudiadas. Esto último inspira el planteamiento de un Core funcional para la microbiota bacteriana de *Gracilaria chilensis*.

Financiamiento: Proyecto Núcleo Milenio de Agronomía Marina de Algas (MASH), NCN2021_033

GPE 24

IMPACTO DEL PLEISTOCENO EN LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE *Mazzaella laminarioides*: DIVERGENCIA Y DINÁMICAS DEMOGRÁFICAS

Sepúlveda Espinoza F.¹, M. Guillemin^{1,2,3}, M.F. Torres^{1,4}. ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile (UACH), Chile; ²Núcleo Milenio MASH, Facultad de Ciencias, UACH, Chile; ³Centro FONDAP de Investigación en Dinámica de Ecosistemas Marinos de Altas Latitudes (IDEAL), Chile; ⁴Facultad de Ciencias, UACH, Chile. frsepulveda8@gmail.com

La costa chilena, que se extiende por 35° de latitud, ha experimentado drásticas transformaciones geomorfológicas y climatológica durante el Plioceno e Pleistoceno. Estos procesos podrían haber impulsado cambios en la estructura genética de las especies. *Mazzaella laminarioides*, un alga roja de gran importancia ecológica y económica de la zona intermareal de las costas rocosas de Chile. Previamente, con genomas organelares se identificaron tres grupos genéticos (Norte, Centro y Sur), sugiriendo un proceso de especiación en ciernes asociado a una colonización de norte a sur durante la transición Plioceno-Pleistoceno. Sin embargo, la escasez de datos genómicos ha limitado la comprensión de su historia evolutiva. Esta investigación integra genomas nucleares, marcadores moleculares SNPs e inferencia demográfica para explorar la historia de *M. laminarioides*. El análisis demográfico de coalescencia PSMC detectó cambios en el tamaño efectivo poblacional muy distintos en los tres grupos genéticos: una disminución de tamaño en los grupos Centro y Sur en el comienzo de las glaciaciones hace 2,5 millones de años y, una más reciente del grupo Norte al inicio del Pleistoceno medio, periodo afectado por los ciclos glaciales más fríos de la época. Posteriormente, hace 700 mil años, con la finalización del Pleistoceno medio, observamos un aumento repentino de los tamaños poblacionales en los grupos Centro y Sur, pero no así en el grupo Norte. Estos cambios podrían ser el resultado de los cuellos de botella producto por los ciclos glaciares, provocando eventos de divergencia local y especiación a lo largo de la costa chilena.

Financiamiento: FONDECYT REGULAR 1221477

GPE 25

ANÁLISIS GENÉTICO DE LA COMPOSICIÓN Y DIVERSIDAD DE DIATOMEAS EN EL SUR AUSTRAL DE CHILE: UNA PERSPECTIVA LATITUDINAL

Lizama D.¹, C. Manzi¹, R. Sánchez², G. Fuenzalida³, A.X. Silva⁴.

¹Vicerrectoría de Investigación, Desarrollo y Creación Artística, Laboratorio AUSTRAL-omics, Universidad Austral de Chile (UACH), Valdivia, Chile; ²Dirección de Investigación Sede Puerto Montt, UACH, Valdivia, Chile; ³Centro de Estudios de Algas Nocivas (CREAN), Instituto de Fomento Pesquero (IFOP), Valdivia, Chile; ⁴Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, UACH, Valdivia, Chile. andrea.silva@uach.cl

Las diatomeas (Clase *Bacillariophyta*) son organismos unicelulares que forman parte esencial del fitoplancton marino, pues cumplen roles cruciales como la producción de oxígeno a partir de la fijación del CO₂ atmosférico transformándose en la base para las redes tróficas marinas. Sin embargo, también pueden ocasionar floraciones algales nocivas (FANs), impactando negativamente a los ecosistemas y al ser humano. La distribución de las diatomeas está modulada por factores abióticos como la disponibilidad de nutrientes (silicato) y por condiciones oceanográficas como corrientes, salinidad y temperatura. En Chile, estos factores inciden en la diversidad de especies de diatomeas a lo largo de la costa, siendo *Thalassiosira* y *Chaetoceros* los géneros más abundantes y con patrones de diversidad contrastante. En este estudio, se utilizó *metabarcoding* con los marcadores *18SV4* y *rbcL* para comparar su capacidad de detectar e identificar géneros y especies. El objetivo fue analizar la composición y variación latitudinal de diatomeas en 30 sitios, entre los 37° y 56° de Lat. S de la costa chilena. Los resultados permitieron comparar 19 sitios observando que el marcador *18SV4* tiene una mayor capacidad de asignación taxonómica a diferentes niveles, en comparación al marcador *rbcL*. Además, ambos marcadores mostraron mayor abundancia del género *Chaetoceros* en los sitios muestreados, a excepción de un “hotspot” de *Thalassiosira* en el Golfo de Corcovado (43° Lat. S) y una notable disminución de *Chaetoceros* en la misma latitud. Esta investigación subraya la importancia del marcador usado en *metabarcoding* para comprender la estructura y dinámica de las comunidades de diatomeas.

Financiamiento: Fondef IDeA ID22I10316 “GENOFAN: Base de Datos Genómica para Manejo y Monitoreo de Floraciones Algas Nocivas”

GPE 26

CARACTERIZACIÓN FINA DE UNA ZONA DE CONTACTO DE *Mazzaella laminarioides* EN EL PACÍFICO SURESTE: ANÁLISIS DE ESTRUCTURA Y CLINAS GENÉTICAS

Quesada Calderon S.M.^{1,2}, M. Guillemin^{2,3,4,5}. ¹AUSTRAL-omics, Vicerrectoría de Investigación, Desarrollo y Creación Artística, Universidad Austral de Chile (UACH), Valdivia, Chile; ²Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, UACH, Valdivia, Chile; ³IRL 3614 Evolutionary Biology and Ecology of Algae, CNRS, Sorbonne Université, Pontificia Universidad Católica de Chile, UACH, Roscoff, France; ⁴Núcleo Milenio MASH, UACH, Valdivia, Chile; ⁵Centro FONDAP de Investigación de Ecosistemas Marinos de Altas Latitudes (IDEAL), Valdivia, Chile. suany118@gmail.com

El estudio de la hibridación e introgresión es esencial para comprender la divergencia y especiación en poblaciones naturales. Las zonas de hibridación se caracterizan por ser áreas geográficas estrechas con flujo de genes entre linajes diferenciados, presentando una variación clinal de frecuencias alélicas mantenida por un equilibrio entre dispersión y selección contra híbridos. En *Mazzaella laminarioides*, alga roja de baja dispersión y ciclo de vida haplodiploide, estudios previos han encontrado un quiebre genético en la latitud 32–33°S en su distribución a lo largo de la costa del pacífico sureste. El objetivo de este trabajo fue caracterizar a escala fina la zona de contacto/hibridación de *M. laminarioides* utilizando distintos marcadores moleculares. Se realizaron análisis usando el gen *COI* y seis microsatélites para caracterizar y ubicar la zona de contacto, determinando la amplitud/permeabilidad de la clina genética. Se analizaron secuencias *COI* de diferentes puntos de muestreo a lo largo de 150 km dentro del quiebre genético, encontrándose dos linajes con haplogrupos diferenciados en un área de sólo 380 m. Los resultados sugieren la presencia de barreras reproductivas que mantienen la divergencia a pesar de la estrecha zona de contacto. Los análisis revelaron una clina genética pronunciada ubicada en ~32,81°S, con una transición abrupta entre los grupos genéticos Norte y Centro. Estos hallazgos indican que la clina no se debe exclusivamente a barreras físicas de dispersión, sino posiblemente a otros procesos biológicos y ecológicos. Los resultados sugieren la presencia de barreras reproductivas que mantienen la divergencia a pesar de la estrecha zona de contacto.

Financiamiento: FONDECYT 2021 Beca Postdoctoral No. 3210788, FONDECYT Regular N°1221477 (ANID, Chile) y ANID NCN2021-033.

GPE 27

PLASTICIDAD FENOTÍPICA EN BIOTIPOS DE ARROZ MALEZA ARGENTINOS

Fernández P.A.¹, R.B. Vercellino¹, I. Rampoldi², G. Auge³, M. Crepy², A. Presotto¹. ¹Departamento de Agronomía-CERZOS, Universidad Nacional del Sur-CONICET, Argentina; ²EAA INTA Concepción del Uruguay, INTA-CONICET, Argentina; ³Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), INTA-CONICET, Argentina. paola.fernandez@uns.edu.ar

El arroz maleza (*Oryza sativa* f. *spontanea*), conespecífica con el arroz cultivado, es una problemática en la mayoría de las regiones productoras de arroz en el mundo y su origen evolutivo se asocia mayormente con eventos de domesticación. En Argentina, el arroz maleza es una combinación de malezas tipo *aus* e híbridos entre *aus* y cultivares *indica* locales. El objetivo de este estudio fue caracterizar fenotípicamente biotipos de arroz maleza colectados en diferentes lotes dentro de la región productora de arroz argentina. Para ello, se sembraron 60 biotipos malezas y cuatro cultivares de arroz en dos ambientes contrastantes, Concepción del Uruguay (CU) y Bahía Blanca (BB), durante las campañas 2021/22 y 2022/23, respectivamente. Se utilizó un diseño completamente aleatorizado. Se realizó una caracterización con 14 rasgos morfológicos vegetativos y reproductivos y los datos fueron analizados mediante análisis de la varianza y análisis multivariado. Se observó una gran diversidad fenotípica, principalmente cuando los biotipos fueron sembrados en CU. Se encontró interacción ambiente por biotipo en todas las variables. En general, el ambiente representó la principal fuente de variación en la mayoría de los rasgos evaluados, aunque en algunas variables (e.g., días a floración, largo de la hoja bandera), el biotipo explicó la mayor parte de la variación. La gran plasticidad fenotípica observada en el arroz maleza argentino podría estar asociada al origen híbrido de la mayoría de los biotipos relevados. Esta le daría una importante capacidad de adaptación ante cambios futuros en el ambiente.

Financiamiento: Agencia Nacional de Promoción de la Investigación, el Desarrollo Tecnológico y la Innovación, PICT 2019-00581

GPE 28

VARIABILIDAD DEL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO OXIDASA I (COI) EN EL LEPIDÓPTERO PLAGA *Diatraea saccharalis*

Corach A.¹, F. Flores², M.N. Ulrich¹, H. Andrada³, C. Cagnotti⁴, S. López⁴, D.S. Tosto¹. ¹Instituto Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) UEDD- INTA-CONICET, Buenos Aires, Argentina; ²EAA Marcos Juárez INTA, Córdoba, Argentina; ³Agencia de Extensión Rural Quines, INTA, San Luis, Argentina; ⁴Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola, IABIMO UEDD- INTA-CONICET, Buenos Aires, Argentina. tosto.daniela@inta.gob.ar

Diatraea saccharalis es una especie de lepidóptero ampliamente distribuida en América que afecta gran variedad de cultivos (maíz, caña de azúcar, trigo y arroz), siendo en Argentina una de las principales plagas que afectan los cultivos de maíz y caña de azúcar. En el caso del maíz, la adopción del maíz Bt (GM) permitió controlar efectivamente esta plaga en el país. Con el objetivo de analizar la estructura genética poblacional de *D. saccharalis* se analizó la variabilidad de un fragmento (1.429 pb) del gen mitocondrial COI, en poblaciones de once localidades del país, incluyendo tres localidades en las que fue reportada la resistencia a eventos de maíz Bt. Se determinaron 37 haplotipos: de los cuatro más frecuentes, presentes en la zona núcleo de cultivo de maíz en el país, uno fue identificado también en el norte argentino. De los doce haplotipos identificados en más de un individuo, siete resultaron exclusivos de alguna de las localidades. El análisis de la varianza molecular (AMOVA) y la comparación de a pares (F_{ST}), indicaron diferencias significativas entre algunas poblaciones analizadas, siendo mayor la diferenciación entre poblaciones geográficamente distantes. Lo mismo se vio al incluir en el estudio secuencias americanas (525 pb). Las interrelaciones entre los haplotipos indicarían que la especie ha sufrido en Argentina un proceso expansivo, asociado a la intensificación de cultivos extensivos y la expansión de la frontera agrícola, experimentados en los últimos años por la gran adopción de cultivos GM y el transporte de granos asociado a la producción.

Financiamiento: PE114 INTA, PD087 INTA