

(Formerly MENDELIANA)



September 2020
Volumen XXXI
No. 1 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6322

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**



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

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



BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXI - No. 1 (suppl.)

September 2020

Included in:



Cited by:



Comité Editorial

Editor General:

Dra. Elsa L. Camadro

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Mar del Plata
Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas
Balcarce, Argentina
camadro.elsa@inta.gob.ar

Editores Asociados:

Citogenética Animal

Dra. Liliana M. Mola

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

Citogenética Vegetal

Dr. Julio R. Daviña

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

Genética de Poblaciones y Evolución

Dr. Juan César Vilardi

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

Genética Humana, Médica y Citogenética

Dra. Silvia Adela Ávila

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

Dra. María Inés Echeverría

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

Dr. José Arturo Prada Oliveira

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

Dr. Bernardo Bertoni Jara

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

Genética Molecular (Animal)

Dr. Guillermo Giovambattista

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

Genética Molecular (Vegetal)

Dr. Alberto Acevedo

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

Dr. Andrés Zambelli

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

Genética y Mejoramiento Animal

Dra. Liliana A. Picardi

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

Dra. María Inés Oyarzábal

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

Genética y Mejoramiento Genético Vegetal

Dra. Natalia Bonamico

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

Dr. Ricardo W. Masuelli

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

Dr. Rodomiro Ortiz

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

Dra. Mónica Poverene

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

Dr. Pedro Rimieri

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

Mutagénesis

Dr. Alejandro D. Bolzán

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

Mutaciones Inducidas en Mejoramiento Vegetal

Ing. Agr. (M.Sc.) Alberto Raúl Prina

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

Consultores Estadísticos:

Dr. David Almorza

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

Dra. María Purificación Galindo Villardón

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

Secretaría de Redacción:

Dra. María de las Mercedes Echeverría

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

Diseño y maquetación:

Mauro Salerno

maurosalerano92@gmail.com

Corrección de estilo:

Dr. Mariano Santini

marianosantini@yahoo.com.ar

Imagen de tapa:

Amanecer en el Iberá®

J. Federico Maune

Nota: Los resúmenes se publican en este suplemento como fueron originalmente enviados por los autores, excepto por correcciones formales y ortográficas menores realizadas por los editores.

XLVIII

Congreso Argentino de Genética



Modalidad virtual

24 al 26 de septiembre de 2020



SAG

**Sociedad
Argentina
de Genética**

50° ANIVERSARIO

1969-2019

Comité Científico

Dra. Angela R. Solano

Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas. Buenos Aires, Argentina.

Dra. Lucila I. Hinrichsen

Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario. Rosario, Santa Fe, Argentina.

Dra. María de las Mercedes Echeverría

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata. Balcarce, Buenos Aires, Argentina

Dr. Pablo Gustavo Mele

Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina.

Bq. Fernanda Soledad Jalil

Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas. Buenos Aires, Argentina.

Ing. Agr. María Irma de las Mercedes Hidalgo

Instituto de Botánica del Nordeste, Universidad Nacional del Nordeste. Corrientes, Argentina.

Dra. Ariela Freya Fundia

Instituto de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Academia Nacional de Medicina. Buenos Aires, Argentina.

Dra. María Agustina Raschia

Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de La Plata. Instituto E.A. Favret, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Hurlingham. Buenos Aires, Argentina.

Dra. Ana Isabel Honfi

Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. Instituto de Biología Subtropical Universidad Nacional de Misiones – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Posadas, Misiones, Argentina.

Dra. María Soledad Ureta

Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

Dr. Pedro Rimieri

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino. Buenos Aires, Argentina.

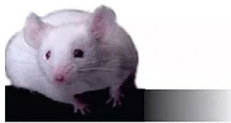
Auspiciantes



Patrocinadores



Excelencia tecnológica y calidad de servicios







Biodynamics



Facultad de
Ciencias Exactas,
Químicas y
Naturales



Contenidos

9	CONFERENCIAS	
16	SIMPOSIOS	
46	ESPACIO JOVEN	
52	COMUNICACIONES LIBRES	
52	CA. CITOGÉNÉTICA ANIMAL	
57	CH. CITOGÉNÉTICA HUMANA	
61	CV. CITOGÉNÉTICA VEGETAL	
65	GMO. GENÉTICA DE MICROORGANISMOS	
70	GPE. GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN	
82	GH. GENÉTICA HUMANA	
88	GM. GENÉTICA MÉDICA	
97	GV. GENÉTICA VEGETAL	
103	GEDU. GENÉTICA Y EDUCACIÓN	
107	GMA. GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL	
110	GGM. GENÓMICA Y GENÉTICA MOLECULAR	
123	MV. MEJORAMIENTO VEGETAL	
146	MCTA. MUTAGÉNESIS, CARCINOGENESIS Y TERATOGENESIS AMBIENTAL	

CONFERENCIAS

Conferencia plenaria “Francisco Saez”

FILOGEOGRAFÍA ECOLÓGICA Y MODELOS COALESCENTES SUGIEREN UNA EXPANSIÓN POBLACIONAL LINEAL DE *Anastrepha fraterculus* (TEPHRITIDAE) DESDE HACE 2500 AÑOS

Vilardi J.C.I. IIEGEBA (UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina.
vilardi10@gmail.com

Anastrepha fraterculus es un complejo de especies sinmórficas que comprende al menos ocho entidades biológicas diferentes. Las poblaciones de Argentina pertenecerían al morfotipo “Brasilero-1”, presente en las regiones subtropicales del noreste y noroeste, con clima cálido y húmedo. En nuestro laboratorio se analizó la variabilidad de un fragmento (417 pb) del gen mitocondrial *COII*. Inicialmente no se encontró una asociación entre la variabilidad haplotípica y la distribución geográfica. Sin embargo, la disponibilidad de herramientas informáticas permite la integración de datos moleculares, geográficos y ambientales dentro del marco de modelos que logran una mejor aproximación al estudio de la genética del paisaje, aplicando modelos coalescentes y análisis bayesianos para realizar un agrupamiento ecológico. Se analizaron siete poblaciones de Argentina y una del sur de Brasil; incluyeron seis variables ambientales consideradas importantes para modelar la distribución de *A. fraterculus*. La evidencia obtenida sugiere que ocurrió una expansión lineal de la población desde hace unos 2500 años. Se identificaron dos clusters, uno incluye poblaciones de Misiones y Jujuy y el otro poblaciones situadas en Pelotas (Brasil), Tucumán, Entre Ríos, San Luis y Buenos Aires. A partir de poblaciones de Misiones la población se habría expandido hacia el sur y el oeste. Esta expansión podría en parte asociarse a factores antrópicos relacionados con la expansión de la cultura Tupi-Guaraní hace 3000-1500 AP.

PLATAFORMA DE *SPEED BREEDING* APLICADA AL PRE-MEJORAMIENTO DE TRIGO

Lombardo L.I. EEA INTA Marcos Juárez, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina.
lombardo.lucio@inta.gob.ar

Nuevas tecnologías y disciplinas como son la bioinformática, la secuenciación de última generación y la genómica funcional están permitiendo obtener una amplia y creciente gama de marcadores moleculares de genes de interés agronómico en trigo. Sin embargo, los tiempos biológicos de avance en el mejoramiento convencional limitan considerablemente la velocidad con que la aplicación de estos conocimientos llega a materiales mejorados. En este sentido, existe la necesidad de contar con herramientas para favorecer el avance genético y la selección asistida por marcadores en lapsos de tiempos menores que los obtenidos por el mejoramiento convencional. La técnica de *speed breeding* (mejoramiento acelerado) aporta soluciones para esta problemática. En la EEA Marcos Juárez, sede del programa nacional de mejoramiento de trigo de INTA, se construyó una plataforma de *speed breeding* de bajo presupuesto que se está usando para: a) acortar significativamente los tiempos necesarios para la estabilización de poblaciones segregantes; b) enriquecer líneas estabilizadas con alelos favorables de genes de interés agronómico; y c) dar respuesta a necesidades específicas del programa, como la introgresión de caracteres de difícil visualización a campo. El objetivo de esta disertación es transmitir nuestra experiencia en la temática a otros grupos de trabajo que estén interesados en empezar a utilizarla.

MECANISMOS DE ADAPTACIÓN DE LOS BOVINOS A AMBIENTES EXTREMOS

Giovambattista G.¹ Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET-CONICET-UNLP), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

Los bovinos domésticos son descendientes del *Bos primigenius*. Este antecesor salvaje tenía una amplia distribución geográfica en Eurasia y norte de África. A partir de los centros de domesticación, los bovinos se dispersaron siguiendo las rutas migratorias humanas, expandiendo aún más su amplia distribución geográfica original. En la actualidad esta especie doméstica se encuentra en todos los continentes con la excepción de la Antártida. Como consecuencia de esto, las poblaciones bovinas tuvieron que adaptarse a una gran variedad de condiciones ambientales, tales como condiciones de hipoxia en mesetas de altura, climas tropicales, áreas desérticas y frías extremas. Los bovinos de estas regiones han desarrollado estrategias fisiológicas y características morfológicas para adaptarse a estas condiciones adversas. La disponibilidad de datos masivos de microarrays de SNPs de mediana y alta densidad y de secuenciación de genomas por NGS, así como, el desarrollo de métodos de análisis, ha permitido identificar regiones y genes asociados a huellas de selección. Por lo tanto, la presente charla se focaliza en la descripción del estado del arte sobre la genética de la adaptación de los bovinos a los diferentes ambientes que habitan. Para tal fin se detallarán las diferentes rutas y genes involucrados en la adaptación en diferentes modelos, tales como los bovinos del Tíbet y del Altiplano Boliviano, razas tropicales y razas de Siberia. Los resultados obtenidos por los diferentes autores han contribuido a incrementar nuestros conocimientos sobre las bases genéticas de la adaptación a diferentes condiciones ambientales y contribuyen a revalorizar los recursos zoogenéticos locales.

Conferencia inaugural

GENÉTICA Y GENÓMICA EN EL TERCER MILENIO

Solano A.R.¹ Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas "Norberto Quirno" (CEMIC). Instituto de Investigaciones Biomédicas (INBIOMED), UBA-CONICET, CABA, Buenos Aires, Argentina.

drsolanolangela@gmail.com

Queridos colegas amigos, es un placer inaugurar el 48vo. Congreso Argentino de Genética, nuestra Comisión Directiva y yo les damos la bienvenida a la primera reunión virtual. En las últimas dos décadas la genética y la genómica tuvieron avances extraordinarios, sustentado en el modo transversal en que afecta todas las áreas. Una muestra fehaciente es nuestro Congreso Argentino de Genética que convoca profesionales de la ciencia agropecuaria, entomológica, humana, microbiológica y ciencias básicas de todas estas disciplinas. La genética y la genómica tienen a disposición varias técnicas asombrosas, las cuales pueden ser utilizadas en cualquier escala y a la distancia, pero mantienen una condición inevitable, la necesidad de interpretación de los resultados en manos de expertos en cada área para dar resultados de excelencia, como debe exigirse siempre en la ciencia. Así se van derribando los mitos de la aplicación de la genética que es "menos exacta", o "puede provocar distrés en salud", o "sólo pueden aplicarla los expertos". La interacción entre los profesionales intervinientes cumpliendo cada uno su papel fundamental, es uno de los valores agregados más fructíferos resultantes de la expansión de la genética. Describiré la aplicación en oncología principalmente, su expansión a cardiología y otras áreas, exponiendo los riesgos y los desafíos de esta era. Estará presente la medicina de precisión que nació para no irse, junto a uno de los principales objetivos de cualquier profesión: la posibilidad de prevenir. Con los mejores deseos, dejo inaugurado nuestro 48vo. Congreso de la SAG.

FARMACOGENÉTICA Y FARMACOGENÓMICA: FUNDAMENTOS, DIFICULTADES Y EJEMPLOS DE ÉXITO EN LA IMPLEMENTACIÓN CLÍNICA. ¿ESTAMOS PREPARADOS?

López Fernández L.A.¹. ¹Hospital General Universitario Gregorio Marañón, Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón, Madrid, España.

luis.lopez@iisgm.com

La farmacogenética (FG) es una disciplina emergente que estudia las bases genéticas de la variabilidad interindividual en la respuesta a los fármacos con el objeto de optimizar el tratamiento farmacológico y disminuir los efectos adversos de los medicamentos. Tal variabilidad depende, entre otros factores, de variantes genéticas que pueden modificar la expresión y/o la función de enzimas y proteínas que intervienen en la absorción, distribución, metabolización y excreción de los fármacos. Las investigaciones recientes han llevado al descubrimiento de numerosos marcadores con valor pronóstico y predictivo de importancia clínica. El Consorcio “*Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium (CPIC)*” y la base “*The Pharmacogenomics Knowledge Base (PharmGKB)*”, evalúan sistemáticamente la gran cantidad de información FG y publican la lista de los pares genética-drogas y guías clínicas. Además, entre otras, las agencias reguladoras de medicamentos de Estados Unidos (FDA) y Europa (EMA), incluyen información FG en las etiquetas técnicas de ciertos fármacos. Actualmente se dispone de casi 250 medicamentos con etiquetas farmacogenéticas. A pesar de los importantes avances, lo cierto es que la gran mayoría de la información FG disponible no se aplica de manera generalizada en la práctica clínica. Se presentan ejemplos aplicados y en investigación en farmacogenética para prevenir toxicidad a fármacos.

SARS-CoV-2 Y EL LABORATORIO DE VIROLOGÍA

Videla C.¹. ¹Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas “Norberto Quirno” (CEMIC), CABA, Buenos Aires, Argentina.

cvidela@cemic.edu.ar

En diciembre de 2019, se identificó un nuevo coronavirus el SARS-CoV-2 en casos de neumonía de habitantes de la ciudad de Wuhan, China. El número de casos se incrementó rápidamente extendiéndose a distintos continentes. El 30 de enero la WHO declaró la pandemia. Los casos de SARS-CoV 2 se relacionaron con el mercado de animales marinos de Wuhan, sugiriendo un origen zoonótico, probablemente un salto de especie de murciélago al humano; no está claro aún si intervino un huésped intermediario. Este es el séptimo corona que infecta a humanos después de los conocidos 229E, OC43, NL63 y HKU1 que mayormente producen el resfrío común y los otros dos causantes de neumonías severas, el SARS-CoV (2002-2003) y el más reciente MERS-CoV (2012). La rápida caracterización de este nuevo corona incluyó su aislamiento en cultivo de células, imágenes por microscopía electrónica, secuencia completa del genoma, desarrollo PCRs contra los distintos genes virales, lo que permitió el diagnóstico de la enfermedad, su caracterización y seguimiento y la toma de medidas de control. El estudio de la respuesta inmune surgió como otra alternativa diagnóstica, desarrollándose ensayos para la detección de IgM e IgG que permiten estudiar la respuesta inmune de los infectados y ser aplicadas en ensayos de vacunas y caracterización de inmunoseros. El Laboratorio de Virología acompañó la evolución de este descubrimiento, ya sea optimizando el diagnóstico molecular y serológico, buscando alternativas para los recursos escasos debido a la pandemia y participando en diversos estudios clínicos.

NUEVAS TÉCNICAS DE MEJORAMIENTO APLICADAS A CULTIVOS DE IMPORTANCIA AGRÍCOLA

Kreff, E.D.¹. ¹Pioneer Argentina S.R.L. (Corteva), Buenos Aires, Argentina.
enrique.kreff@corteva.com

La creciente demanda mundial de alimentos, los cambios de paradigmas productivos y las variaciones ambientales son factores que generan desafíos para el desarrollo de cultivos agrícolas mejorados. La demanda de alimentos se encuentra asociada al crecimiento poblacional y a los patrones de consumo. Por otro lado, la producción agrícola es afectada por los paradigmas productivos y por componentes ambientales, como la frecuencia de estreses bióticos y abióticos. Para poder satisfacer esos desafíos del mejoramiento genético debemos identificar procedimientos, tecnologías e innovaciones que nos permitan mejorar la productividad y características nutricionales de los cultivos, así como la expansión de los mismos a nuevas regiones. Dentro de las tecnologías que pueden proveer un efecto positivo en el mejoramiento genético de las plantas se encuentra la edición génica, incluyendo a CRISPR Cas9. La edición génica puede permitir la generación de plantas mejoradas para caracteres que generen alimentos más nutritivos y saludables, con efectos positivos en las personas y el ambiente. Estas tecnologías son un complemento también para mantener o aumentar la tasa de mejoramiento genético para el rendimiento en grano de plantas cultivadas y su adaptación a múltiples geografías y condiciones ambientales. De esta manera, los agricultores y los consumidores pueden ser beneficiados por el acceso a los materiales genéticos que ofrecen un mayor potencial de rendimiento, tolerancia a condiciones de estreses bióticos y abióticos, y características positivas a nivel nutricional y del ambiente.

GENÉTICA DE CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS EN LA ERA POST GENÓMICA: LOGROS Y DESAFÍOS

Di Rocco F.¹. ¹IMBICE, Buenos Aires, Argentina.
fdirocco@imbice.gov.ar

Los camélidos sudamericanos comprenden dos especies silvestres, el guanaco y la vicuña, y dos especies domésticas, la llama y la alpaca. Desde su domesticación hace 6000 años, los camélidos han sido un medio de subsistencia para las poblaciones altoandinas. La llama ocupa, aún hoy, un importante rol económico y cultural en la puna argentina donde es criada para la producción de carne y fibra. El color de la fibra determina, junto con el diámetro, su valor comercial. La diversidad de colores que presentan las llamas es una de sus características fenotípicas más llamativa. En otros animales domésticos ya se han identificado la mayoría de las mutaciones genéticas responsables de los distintos colores de pelaje, pero en los camélidos aún no se conocen. El color es un carácter mendeliano sin influencia ambiental. Además, la ruta bioquímica de la síntesis de pigmentos es bien conocida y altamente conservada entre mamíferos. Esto hace que el estudio de genes candidatos resulte una metodología válida para identificar las mutaciones responsables de los diferentes fenotipos de color, sobre todo en especies cuyo genoma no ha sido secuenciado. El objetivo de esta exposición es presentar los avances en el conocimiento de la genética del color en llamas mediante esta estrategia y discutir cómo la reciente publicación de los genomas de las cuatro especies de camélidos y el surgimiento de las técnicas de secuenciación de tercera generación, acelerarán el descubrimiento de las bases moleculares detrás de la variación fenotípica.

APELLIDOS Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS POBLACIONES HUMANAS

Dipierri J.I. ¹Departamento de Genética y Bioantropología, Instituto de Biología de la Altura, Universidad Nacional de Jujuy, San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.
jedjujuy@gmail.com

La estructura genética de las poblaciones humanas puede estudiarse con marcadores genéticos, pero también, cuando se tienen en cuenta una serie de asunciones y principios, con un sustituto no biológico de estructura poblacional, la distribución y frecuencia de los apellidos que permite mediante la aplicación del método isonímico, obtener una estimación de la consanguinidad poblacional, asumiendo que todos los individuos portadores del mismo apellido están emparentados al haber heredado este apellido de un antepasado común. Los apellidos constituyen en la actualidad un recurso metodológico importante de la genética de poblaciones humanas ya que permiten, al disponer de información de toda la población, tener una visión global del comportamiento genético y demográfico de la misma, visión que no siempre es posible lograr utilizando otros métodos más costosos, lentos o difíciles de aplicar en un número significativo o importante de individuos como los estudios basados en el análisis genealógico o en marcadores moleculares. La similitud o disimilitud de los perfiles de apellidos en cuanto a su distribución y frecuencia espacial y temporal, permite analizar la estructura genética isonímica de las poblaciones a distintos niveles de su organización administrativa, identificar áreas o subpoblaciones dentro de la misma y evaluar los efectos de la deriva y la migración en la historia de la población. Se presentarán los resultados alcanzados con esta metodología aplicada para analizar la estructura genético-isonímica de países, regiones, fronteras y metrópolis sudamericanas.

COMPORTAMIENTO MEIÓTICO: ¿QUÉ NOS MUESTRAN LOS SISTEMAS HOLOCINÉTICOS DE LOS ARTRÓPODOS?

Mola L.M.I. ¹Facultad Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires-IEGEB (CONICET-UBA).
lilimola@yahoo.com.ar

La meiosis es un tipo de división celular especializada que da lugar a la formación de gametos y comprende dos divisiones consecutivas sin duplicación de DNA entre ambas. Durante la primera división tienen lugar una serie de fenómenos exclusivos: sinapsis (apareamiento), recombinación (cuya expresión citológica son los quiasmas) y segregación de los cromosomas homólogos (división reduccional). Estas características generales se cumplen en los cromosomas monocéntricos. En los artrópodos con cromosomas holocinéticos se describieron algunas variaciones de este comportamiento. La primera división puede ser quiasmática reduccional (pre-reduccional) para los autosomas, mientras que los cromosomas sexuales son asinápticos y segregan de manera ecuacional (post-reduccional), como en los heterópteros. En la primera división los bivalentes pueden presentar quiasmas y dividirse ecuacionalmente, o sea, separando principalmente cromátidas hermanas en vez de homólogos, como en las libélulas y hembras de cóccidos. O bien los cromosomas pueden aparearse pero no presentar quiasmas y dividirse reduccionalmente en la primera división, como en escorpiones bítidos. Otra posibilidad es que los homólogos sean asinápticos en la primera división y se dividan ecuacionalmente, como en machos de cóccidos. Estos grupos de insectos y arácnidos presentan comportamientos meióticos particulares pero no modifican el producto final: la formación de gametos con reducción del número cromosómico de diploide a haploide y con nuevas combinaciones de genes como resultado de la recombinación intra- e intercromosómica.

Conferencia “Ewald A. Favret”

BIOTECNOLOGÍA MODERNA ¿APLICADA AL MEJORAMIENTO DE CEREALES?

Bossio, E.I. Instituto de Genética “E. A. Favret” (IGEAF), CICVyA, INTA. Buenos Aires, Argentina.
bossio.ezequiel@inta.gob.ar

Considerando el concepto básico de biotecnología que implica el empleo de organismos vivos para la obtención bienes o servicios útiles para el hombre, se identifican a lo largo de la historia una amplia lista de aplicación: desde la elaboración de cerveza hasta la utilización de enzimas recombinantes en la industria. Pero en las últimas décadas ha tomado relevancia una variante específica de la biotecnología: la biotecnología moderna, que incluye específicamente a la ingeniería genética y la transferencia de ADN. La biotecnología moderna ha tenido un gran impacto en la agricultura, a través del desarrollo de variedades novedosa en muchos de los principales cultivos: soja, maíz, canola y algodón entre los más destacados por la superficie sembrada. Como se observa, si bien la biotecnología moderna ha tenido un rol relevante en el mejoramiento de algunos cultivos, en otros en cambio la misma ha sido exigua. En este último grupo de cultivos podemos encontrar a prácticamente todos los cereales de producción: trigo, cebada, avena y centeno. Al momento no existen variedades comerciales de estos cereales mejoradas por biotecnología moderna. Una excepción es el maíz: cerca del 100% de la superficie sembrada corresponde a variedades genéticamente modificadas (GM). Esta presentación propone una revisión acerca de la contribución de la biotecnología moderna al mejoramiento de cereales, indagando al mismo tiempo sobre los posibles factores que determinan la situación descrita. Se analizará además si las nuevas herramientas biotecnológicas de reciente aparición podrían ofrecer un nuevo panorama para estos cultivos.

PRIMER GENOMA SECUENCIADO DE UNA CEPA ARGENTINA DE *Streptococcus agalactiae* AISLADA DE UN BOVINO CON MASTITIS

Cadona J. S.¹, L.B. Hernandez¹, J.R. Lorenzo Lopez¹, A.V. Bustamante¹, A.M. Sanso¹. ¹CIVETAN, FCV, UNCPBA, Tandil, Argentina.
jcadona@vet.unicen.edu.ar

Streptococcus agalactiae es un importante patógeno causante de mastitis clínica y subclínica en bovinos, lo cual impacta en la salud animal y en la producción láctea. Es también un patógeno humano que causa infecciones graves, principalmente en neonatos, ancianos e inmunosuprimidos. En el marco de un proyecto que comprende el análisis genómico comparativo de cepas de *S. agalactiae* y con el objetivo de identificar regiones genómicas que podrían ser marcadores predictivos de virulencia, se secuenció el genoma completo de una cepa argentina de *S. agalactiae* aislada de un bovino con mastitis. La secuenciación del genoma se realizó mediante la plataforma MiSeq (Illumina). A partir de los datos obtenidos se determinó el secuenciotipo (ST) mediante *Multi locus sequence typing* (MLST). Se halló un nuevo alelo en el locus *sdhA* identificado como *sdhA-153* por la base de datos PubMLST. Consecuentemente, el aislamiento presentó un ST también novedoso, ST-1640. Los datos de secuenciación se cargaron en la plataforma web Galaxy. Las *reads* fueron ensambladas *de novo* usando SPAdes. Como resultado, el genoma se ensambló en 150 *contigs* con un valor N50 de 39.265 pb y una longitud máxima de *contig* de 104.508 pb. El genoma presentó una longitud aproximada de 2,3 Mb con un contenido de G+C de 35,61%. Se utilizó Prokka para la anotación del genoma y se predijeron 2.312 genes que codifican proteínas. Estos resultados constituyen los primeros datos genómicos de una cepa argentina de *S. agalactiae* de origen bovino, e informan de la circulación de un clon exclusivo de Argentina.

GENÓMICA COMPARATIVA INTRAESPECIE EN BACTERIAS: REVELANDO EL METABOLOMA SECUNDARIO DE *Streptomyces albus*, LA ESPECIE TIPO DEL GÉNERO *Streptomyces*

Dietrich J.¹, F. Schwab¹, M.S. Vela Gurovic¹. ¹CERZOS UNS-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.
juliandietrich97@hotmail.com.ar

Streptomyces es un género ubicuo y tradicionalmente conocido por su gran capacidad en la producción de antibióticos y otras moléculas bioactivas, típicamente asociadas al metabolismo secundario. El desarrollo de nuevas herramientas bioinformáticas ha hecho posible la bioprospección de metabolitos secundarios a nivel genómico, lo que evita el re-aislamiento de metabolitos conocidos y permite conocer el potencial metabólico de una cepa. Recientemente, nuestro grupo ha reportado el primer genoma completo de *S. albus*, lo que facilitó la realización de un estudio genómico comparativo intraespecie. Se realizaron alineamientos de 9 genomas de *S. albus* disponibles en GenBank con MAUVE (v20150226). Para predecir *clusters* genómicos de biosíntesis de metabolitos secundarios (CGBs) se utilizó ANTISMASH (v. 5.1.2). El metaboloma secundario central incluyó los metabolitos ectoína, geosmina, desferrioxamina E, hopeno y pseudouridimicina, junto con otros metabolitos que presentarían similitud estructural con sapB, isorenierateno e ibomicina. Adicionalmente se detectaron dos *clusters* no asociados a ningún CGB conocido que codificarían proteínas asociadas a la síntesis de dos terpenos y un ciclodepsipéptido. Los resultados sobre el metaboloma auxiliar y único de cada cepa revelaron que la mayoría de los *clusters* de la especie *S. albus*, la cepa tipo del género *Streptomyces*, son huérfanos, es decir, aún no tienen asignado un metabolito. Así, este estudio refleja que la diversidad metabólica de algunas especies extensamente estudiadas aún permanece oculta.