

(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
juliodaviña@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.

ASOCIACIÓN DE GENOTIPOS DEL POLIMORFISMO rs12107982 (C>A) DEL PROMOTOR DEL RECEPTOR II DEL TGF-BETA CON PARÁMETROS LIPÍDICOS EN PACIENTES DE SAN LUIS

Pignataro V.A.¹, A. Orozco Reina¹, R.E. Brovarone², M.C. Della Vedova¹, S.E. Siewert¹, M.E. Vasquez Gomez¹. ¹Facultad Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina. ²Hospital San Luis, San Luis, Argentina. veropign@yahoo.com.ar

La dislipidemia es uno de los factores de riesgo de la cardiopatía isquémica. Un paciente es considerado dislipidémico si presenta al menos uno de los siguientes criterios: nivel plasmático de colesterol total (CT), colesterol LDL o triglicéridos (TG) elevado; o nivel de colesterol HDL disminuido. En este trabajo estudiamos la asociación del polimorfismo rs12107982 (C>A) del promotor de TGFBR2 con diversos parámetros lipídicos en pacientes de San Luis, Argentina. La población consistió en 107 voluntarios (68 dislipidémicos, 39 controles) cuyo genotipo fue determinado por medio de la técnica Tetra-primer ARMS-PCR desarrollada previamente en nuestro laboratorio. Se observó una asociación con mayores niveles de CT a nivel poblacional del genotipo AA, frente a los genotipos CA-CC (AA=201,14 mg/dl; CA-CC=183,04 mg/dl; $p=0,03$). Esta asociación se mantuvo en pacientes dislipidémicos y sin diabetes tipo 2 (T2D) (AA=218,26 mg/dl; CA-CC=170,47 mg/dl; $p=0,01$), pero no controles ($p>0,05$). Los niveles de TG también mostraron una asociación con el genotipo AA en pacientes dislipidémicos sin T2D (AA=201,95 mg/dl; CA-CC=123,78 mg/dl; $p=0,02$). Un análisis de cada criterio de dislipidemia por separado mostró al alelo C en relación al A como un protector ante niveles de CT elevados (≥ 240 mg/dl) (OR=0,20; CI 95%: 0,05–0,86; $p=0,02$), y de una relación CT/CHDL mayor al límite considerado de riesgo ($\geq 4,5$) (OR=0,34; CI 95%: 0,13–0,91; $p=0,03$). Concluimos que la presencia de al menos un alelo C en el polimorfismo rs12107982 tendría un efecto protector discreto sobre la enfermedad cardiovascular.

DIVERSIDAD DE LA POBLACIÓN DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES A PARTIR DE MARCADORES BIALÉLICOS DE CROMOSOMA X

Nowik M.¹, B. Bezus², P.G. Di Santo Meztler³, D.M. Hohl¹, L.A. Glesmann¹, C.I. Catanesi⁴. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) (CONICET-CICPBA-UNLP), Buenos Aires, Argentina. ²Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales, CINDEFI (UNLP-CONICET), La Plata, Buenos Aires. ³Centro de Investigación de Proteínas Vegetales, CIPROVE (UNLP-Centro Asociado CICPBA), La Plata, Buenos Aires. ⁴IMBICE (CONICET-CICPBA-UNLP), La Plata, Buenos Aires. Facultad de Ciencias Naturales y Museo UNLP, La Plata, Buenos Aires. magalinowik27@hotmail.com

La población bonaerense está mayoritariamente conformada por individuos de ancestría europea y nativa americana, a lo que se suma un reciente movimiento migratorio desde otros países, produciendo un cambio gradual en su composición genética. El cromosoma X humano posee una extensa región no recombinante con el Y que presenta un amplio espectro de polimorfismos. Con el objetivo de relacionar los eventos demográficos con el componente genético, se analizaron 10 SNPs, 5 Indels y 7 inserciones Alu de cromosoma X en 70 individuos bonaerenses, mediante PCR y electroforesis en geles de 2% agarosa. Se calcularon frecuencias y ajuste al equilibrio de Hardy-Weinberg (eHW) y se compararon los resultados con datos previos de las poblaciones de Resistencia, Corrientes, Posadas y Viedma mediante F_{ST} . Salvo 2 inserciones Alu y 1 SNP, los marcadores se ajustaron al eHW, mientras que 4 inserciones Alu resultaron monomórficas. Los valores de F_{ST} fueron significativos para SNPs e indels de los bonaerenses ($p<0,05$) frente a los datos de Resistencia, Corrientes y Posadas, pero no con Viedma. La falta de diferencias con los datos de Viedma podría deberse a cierta semejanza cultural y político-económica, junto con las migraciones hacia Viedma por cuestiones laborales y con destino a Buenos Aires por estudio. Por otra parte, las poblaciones de las ciudades capitales del noreste podrían presentar mayor componente nativo americano, generando la diferenciación hallada. Estos resultados permiten comprender los procesos de cambio que inciden en la composición genética de la población argentina actual.