



Journal of Basic & Applied Genetics

(Formerly MENDELIANA)

JOURNAL OF THE ARGENTINE SOCIETY OF GENETICS
REVISTA DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE GENÉTICA

Proceedings

XV Latin American Congress of Genetics

XLI Argentine Congress of Genetics

XLV Congress of the Chilean Society of Genetics

II Regional SAG-Litoral Meeting

Actas

XV Congreso Latinoamericano de Genética

XLI Congreso Argentino de Genética

XLV Congreso de la Sociedad de Genética de Chile

II Reunión Regional SAG-Litoral

Cited by

BIOLOGICAL ABSTRACTS

GENETICS ABSTRACTS

SISTEMA LATINDEX

Included in **SciELO**





ACTAS



**XV CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA
XLI CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA
XLV CONGRESO DE LA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE
II REUNIÓN REGIONAL SAG – LITORAL**

ROSARIO, ARGENTINA, 28 AL 31 DE OCTUBRE DE 2012

ORGANIZAN





ÍNDICE

CONFERENCIAS PLENARIAS	8
-------------------------------	----------

CONFERENCIAS	14
---------------------	-----------

SIMPOSIOS	17
------------------	-----------

TALLERES	59
-----------------	-----------

FOROS	65
--------------	-----------

COMUNICACIONES LIBRES

CA. Citogenética Animal.....	76
CH. Citogenética Humana.....	91
CV. Citogenética Vegetal.....	97
EPG. Epigenética.....	106
FG. Farmacogenética.....	111
GBIO. Genética y Bioinformática.....	116
GEDU. Genética y Educación.....	126
GGM. Genómica y Genética Molecular.....	133
GMA. Genética y Mejoramiento Animal.....	166
GME. Genética Médica.....	181
GMI. Genética de Microorganismos.....	217
GMV. Genética y Mejoramiento Vegetal.....	227
GPE. Genética de Poblaciones y Evolución..	284
MCTA. Mutagénesis, Carcinogénesis y Teratogénesis Ambiental.....	328
RRGG. Recursos Genéticos.....	346



comportamiento de sus progenies (Campero α , ϵ , β , δ y ω , respectivamente; $n = 40$ machos por grupo) producidas por cruzamiento con una sintética paterna mejorada (AH⁷), en comparación con Campero INTA como grupo de referencia. Se incluyeron caracteres de crecimiento (asíntota y tasa de maduración para peso corporal y longitud de la caña), conformación (cuatro índices que relacionan medidas corporales lineales) y composición a la faena (% pechuga, pata-muslo y grasa abdominal). El análisis de componentes principales no mostró agrupamientos significativos pero permitió identificar fuentes de variancia independientes para desarrollo esquelético (PC1), biomasa sustentada (PC2), % muslo (PC3), volumen corporal (PC5). El análisis discriminante mostró un error de clasificación del 42% (de 30% para Campero ϵ al 53% para Campero β). Las dos primeras componentes canónicas explicaron 77% de la variancia. La 1^a discriminó a Campero INTA y Campero ϵ (grasa abdominal < 2,5%) del resto (> 3 %). La 2^a discriminó a Campero δ y ω (menor peso corporal asíntótico y mayor longitud asíntótica de la caña) de Campero α y β . Se concluye que si bien por su velocidad de crecimiento todas las combinaciones ensayadas cumplen con las exigencias del protocolo de producción de pollos camperos, indicando que las cinco sintéticas maternas evaluadas son aptas para la producción de este tipo de aves para carne, sus progenies presentan particularidades que las diferencian.

GMA 21

EXPRESIÓN GENÉTICA DEL CITOCROMO P450 3A28 Y DE LA GLICOPROTEÍNA P EN EL HÍGADO Y EN LA MUCOSA INTESTINAL DE OVINOS

Maté L, M Ballent, A Lifschitz, C Lanusse, G Virke. Laboratorio de Farmacología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNCPBA. Campus Unive.
e-mail: mlmate@vet.unicen.edu.ar

Las enzimas del sistema citocromo P450 (CYP) y las proteínas transportadoras como la glicoproteína P (gp-P), limitan la absorción y facilitan la eliminación de xenobióticos. La dexametasona (DEX) es utilizada para estudiar diferentes mecanismos de expresión de genes que codifican proteínas involucradas en la excreción de xenobióticos. El objetivo del presente trabajo fue estudiar el efecto de la administración de DEX (7 días, 3 mg/kg/día) sobre la expresión genética de CYP3A28 y de la gp-P

en el hígado y en el intestino de ovinos. El nivel de expresión genética se determinó por PCR en tiempo real. Se prepararon microsomas para cuantificar las actividades metabólicas y el contenido de proteína se determinó por inmunoblotting. El tratamiento con DEX causó a nivel hepático un incremento de los niveles de expresión del ARNm (2,67 veces, $p < 0,01$) de CYP3A28, y aumentó la expresión de la proteína (1,34 veces, $p < 0,05$) y su actividad metabólica (+210%, $p < 0,01$). A nivel intestinal no se observó un efecto marcado sobre la expresión genética de la CYP3A28 luego de la administración del glucocorticoide. Se observó un aumento (2,1 veces, $p < 0,001$) en la expresión del factor de transcripción receptor X del ácido retinoico (RXR). El tratamiento con DEX no produjo cambios significativos en los niveles de expresión ni en la actividad de la gp-P a nivel intestinal. Estos resultados constituyen un aporte al conocimiento de los factores que pueden afectar la expresión y la actividad de las enzimas y proteínas de transporte celular que participan en la eliminación de xenobióticos.

GMA 22

A NUCLEUS HERD FOR THE GENETIC IMPROVEMENT OF DAIRY CATTLE OF COOPERATIVE ARGENTINE DAIRY FARMERS

Roberto Gagliardi RG¹, NLV Nicolas Lopez-Villalobos².
¹Cooperativa Tampera Nueva Alpina Ltda., Santiago del Estero, Argentina, ²Institute of Veterinary, Animal and Biomedical Sciences, Massey University, Palmerston North, New Zealand.
e-mail: roberto.gagliardi@cotana.com.ar

A group of cooperative dairy farmers from the North of Argentina started a breeding program for the genetic improvement of their dairy cattle in 2003. The breeding goal was to improve the genetic ability of the cow to convert dry matter into farm profit. A system of genetic evaluation was implemented to produce estimated breeding values for lactation yields of milk, fat, protein, cow live weight and days open. The selection scheme was based on the selection of the best cows ranked on an economic selection called MEGEL (Merito Genetico Economico Lechero) which is calculated as $MEGEL = Ar\$0.081 \times EBV_{milk} + Ar\$1.238 \times EBV_{fat} + Ar\$1.950 \times EBV_{protein} - Ar\$0.048 \times EBV_{liveweight} - Ar\$0.105 \times EBV_{daysopen}$. MEGEL is an estimate of a cow's genetic merit for farm profit per 1 ton of DM. In 2012 a nucleus herd was implemented with 70 cows selected based on MEGEL. The nucleus