

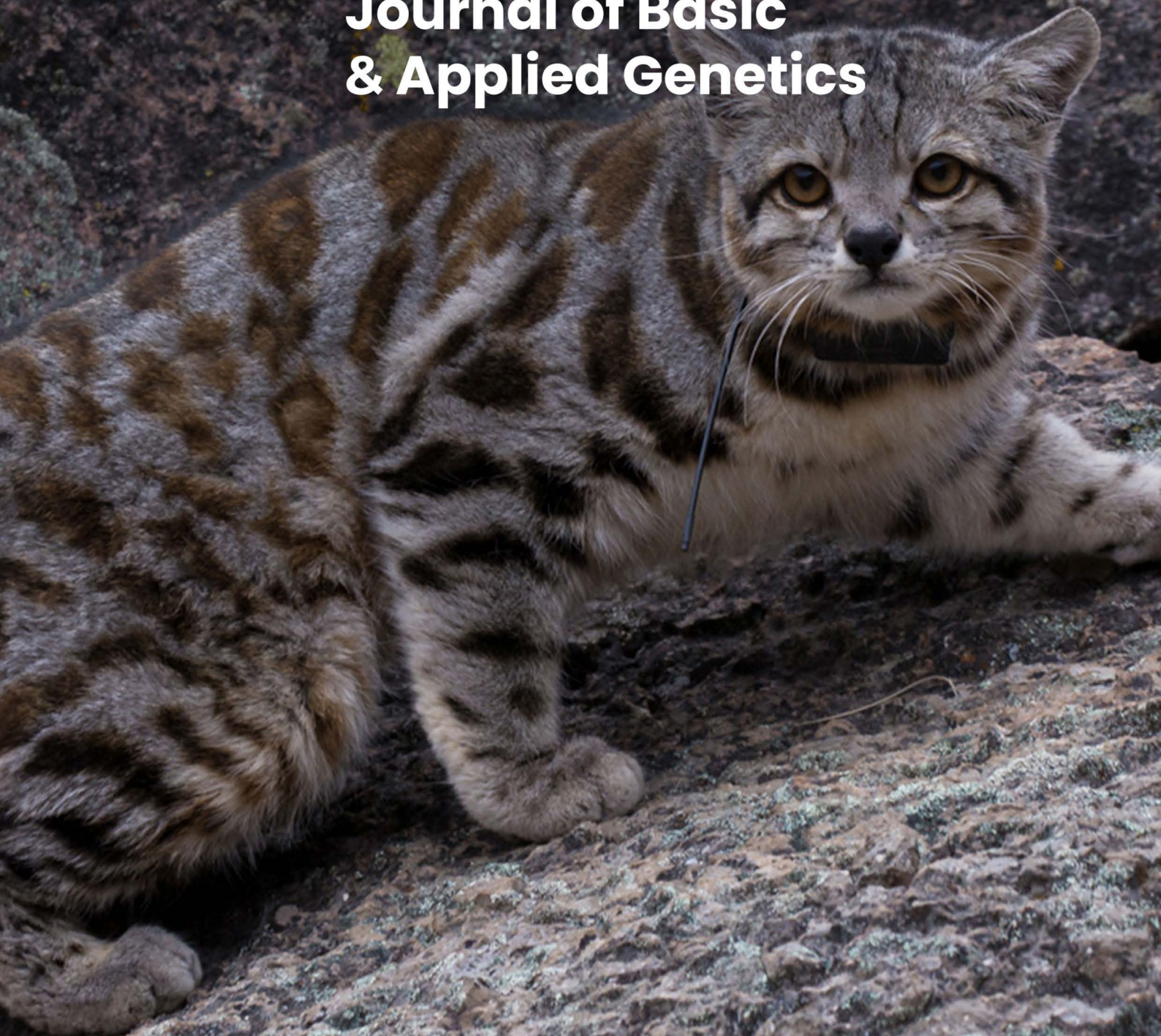
(Formerly MENDELIANA)



July 2019
Volumen XXX
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. XXX - No. 1 (suppl.)

October 2019

Included in:



Cited by:





ALAG

MENDOZA,
ARGENTINA 2019

La arquitectura
del genoma:
su expresión en
los fenotipos
y las poblaciones

6 AL 9 DE OCTUBRE DE 2019

XVII CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA
XLVII CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA
LII REUNIÓN ANUAL DE LA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE
VI CONGRESO DE LA SOCIEDAD URUGUAYA DE GENÉTICA
V CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA HUMANA
V SIMPOSIO LATINOAMERICANO DE CITOGENÉTICA Y EVOLUCIÓN

Organizadores



V SLACE

UTILIZACIÓN DE MUESTRAS DE SANGRE ADSORBIDAS EN TARJETAS FTA PARA LA IDENTIFICACIÓN DEL RESERVORIO DEL VIRUS JUNÍN POR PCR-RFLP

Torchia J.^{1,2}, J.D. Pinotti³, P. Muzulin², M.L. Martín², R. González Ittig³, G. Calderón². ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Argentina; ²Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas "Dr. Julio I Maiztegui" (INEVH-ANLIS), Argentina; ³Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA), CONICET-UNC y Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
julietatorchia@hotmail.com

El estudio de poblaciones de *Calomys musculinus*, el roedor reservorio del Virus Junín (JUNV), causante de la Fiebre Hemorrágica Argentina, permite reconocer y reducir el impacto de esta zoonosis. La utilización de la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa-Polimorfismos de Longitud de Fragmentos de Restricción (PCR-RFLP) utilizando el gen mitocondrial Citocromo b (Cytb), permite la diferenciación de las especies capturadas para priorizar el análisis virológico, reduciendo el número de muestras a secuenciar. Las tarjetas FTA ©Whatman permiten la conservación a temperatura ambiente de ácidos nucleicos y constituye una herramienta útil para la conservación y el transporte de muestras. El objetivo de este trabajo fue identificar el reservorio de JUNV utilizando muestras de sangre adsorbidas a tarjetas FTA y su posterior análisis por PCR-RFLP. Se utilizó sangre entera adsorbida de roedores y se extrajo el ADN utilizando el kit DNeasyBlood and Tissue (Qiagen). Se amplificó por PCR el gen Cytb y los amplicones fueron digeridos con la enzima Alu I. Los resultados de las digestiones se visualizaron en geles de agarosa al 1%. La utilización de muestras adsorbidas en papel y su posterior análisis por PCR-RFLP permitió la diferenciación de la especie reservorio. La implementación de esta metodología resulta más sencilla y económica que la secuenciación y contribuirá a la realización de estudios colaborativos ya que simplifica la obtención, conservación y envío de las muestras.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA OVEJA CRIOLLA DEL OESTE DE FORMOSA (ARGENTINA) UTILIZANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

Revidatti M.A.¹, J.S. Cappello Villada¹, V. Landi², A. Martínez Martínez², S. De La Rosa¹, J.V. Delgado Bermejo². ¹Fac. de Cs. Veterinarias, UNNE, Argentina; ²Universidad de Córdoba, España.
toninacereza@hotmail.com

Con el objetivo de caracterizar genéticamente los ovinos criollos del oeste de Formosa (OF), como contribución para su registro oficial y la creación de núcleos de conservación se colectaron y genotiparon muestras de 45 ovinos pertenecientes a 41 establecimientos de la zona, utilizando 41 marcadores microsatélites (FAO/ISAG), para estudios de diversidad genética ovina. Se calcularon: número de alelos (Na), riqueza alélica (RA), número efectivo de alelos (Ae), heterocigosis esperada (He) y observada (Ho), contenido de información polimórfica (PIC), F_{is} y la desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg (HWE) ($p < 0,05$). Todos los microsatélites resultaron polimórficos, el Na medio fue de 7,76, la RA media fue de 1,72 y el Ae fue 4,09 alelos/locus. La H_e media fue de 0,72. El 90,3% por sobre 0,5 y 0,75. La H_o media fue de 0,63, y el 85,3% se halló por encima de 0,50, indicando un gran número de heterocigotos. El PIC medio fue de 0,67, resultando muy informativos. El 61% de los microsatélites presentaron F_{is} no significativo; 29% demostraron exceso de homocigosis con significancia diferente de 0, y valores entre 0,16 y 0,36; de los 4 restantes, negativos y significativos, 3 presentaron exceso de heterocigotos. El 61% de los marcadores no se desvían del HWE, resultando significativos 16 microsatélites. De acuerdo con el Na, la He y Ho y el estadístico F de Weir y Cockerham, el OF posee un elevado grado de diversidad genética, lo que amerita la formulación de estrategias de conservación efectivas.