

**SIMPOSIOS**

**SYMPOSIA**



## HERRAMIENTAS TECNOLÓGICAS EN EL MEJORAMIENTO DEL ALGODÓN Y EL TRABAJO MULTIDISCIPLINARIO INTEGRANDO LA RELACIÓN PÚBLICO-PRIVADO AL ALCANCE DEL PRODUCTOR

Coordinador: Salerno J.C. Instituto de Genética "Ewald A. Favret", INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; USAL, Buenos Aires, Argentina; UM, Buenos Aires, Argentina. E-mail: salernojc@hotmail.com

El algodón, *Gossypium* spp., ha sido cultivado por su fibra por más de 7.000 años y, a pesar de la disponibilidad creciente de fibras sintéticas, continúa siendo el recurso textil de mayor importancia en el mundo. Además, por cada kilogramo de fibra producido se generan aproximadamente 1,65 kg de semilla, la que por su alto contenido de aceite (21%) representa la tercera fuente de aceite comestible. Las especies de mayor importancia económica son tetraploides y representan el 96% de la superficie destinada a producir fibra, siendo *G. hirsutum* L. la que ocupa más del 90% del área de siembra en el mundo. Argentina representa menos del 1% de la producción mundial de fibra, variando este valor en las diversas campañas, sin embargo, el cultivo es una de las economías regionales de mayor importancia en las provincias del NEA. El fundamento de presentar este simposio radica en poner en conocimiento el avance que ha tenido el programa de mejoramiento genético en un cultivo no tradicional con la incorporación de herramientas tecnológicas y el trabajo multidisciplinario, integrando la relación público y privado y llegando a obtener un producto al alcance del productor.

## ESTRATEGIAS DE GENERACIÓN DE NUEVAS VARIEDADES CON MEJORAS TECNOLÓGICAS PARA APALANCAR EL MANEJO PRODUCTIVO DEL PRODUCTOR ALGODONERO.

Vaquero P.A. Gensus S.A., Avia Terai, Chaco, Argentina. E-mail: pvaquero@gensus.com.ar

Una de las claves para mantener la competitividad del cultivo de algodón consiste en poder ofrecer al productor semillas que contengan un potencial mayor de rendimiento. Este objetivo se cumple por la conjunción de cuatro factores clave como son: germoplasma, eventos biotecnológicos, tratamiento profesional de semilla y manejo adecuado. Compartiremos la estrategia de una empresa nacional como Gensus, que desde su nacimiento en 2016 ha puesto su foco en la búsqueda de estos factores. Haremos hincapié en los dos primeros, germoplasma y eventos biotecnológicos, y compartiremos las acciones llevadas a cabo con instituciones públicas como el INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria), ministerios provinciales, *startups* de tecnología de edición génica, y con instituciones de financiamiento para desarrollo tecnológico como el FONTAR (Fondo Tecnológico Argentino). La intención es abrir a científicos, técnicos, emprendedores y funcionarios relacionados con la investigación, desarrollo y promoción de cultivos regionales, el abanico de posibilidades existentes para construir espacios colaborativos que desemboquen en soluciones reales que lleguen a manos de los agricultores en el campo. Si bien muchas de estas acciones están aún en sus primeras fases de desarrollo, hemos conseguido importantes logros que han permitido posicionar nuevamente al cultivo del algodón como un cultivo regional competitivo, sustentable y con futuro, gracias al lanzamiento de nuevas variedades desarrolladas por el INTA Saenz Peña y con nuevas variedades y eventos para las próximas campañas.

## SEMIOQUÍMICOS INVOLUCRADOS EN ATRACCIÓN Y REPELENCIA DEL PICUDO DEL ALGODONERO

Nussenbaum A.L., F. Devescovi, G.E. Bachmann, J.C. Salerno, D.F. Segura. Instituto de Genética "E.A. Favret", INTA, GV-IABIMO, CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. E-mail: nussenbaum.ana@inta.gov.ar

Nos encontramos ante nuevos desafíos en la producción agrícola, debido a un aumento de la población, y por lo tanto de la demanda, pero a la vez con una mayor concientización del cuidado del medio ambiente. Esto hace imprescindible adaptar el manejo a nuevas tecnologías que permitan disminuir la utilización de insecticidas químicos y la posible contaminación ambiental o consecuencias sobre la salud humana. Los semioquímicos son compuestos químicos que portan información vital para los organismos, produciendo diferentes respuestas comportamentales a los mismos. Existen numerosos ejemplos de semioquímicos que atraen, repelen y hasta confunden a los insectos plaga, reduciendo su impacto. Su naturaleza hace que sean altamente específicos (solo actúan sobre insectos blanco) y de bajo impacto ambiental. El picudo del algodón, *Anthonomus grandis* Boheman (Coleoptera: Curculionidae), es una importante plaga que afecta al cultivo de algodón en Argentina. El picudo posee un complejo sistema de comunicación a través de señales químicas, utilizando en la práctica cebos feromonales como importante herramienta para el monitoreo y posterior manejo de la plaga en campo. Nuestro trabajo se basa en el estudio de los comportamientos de la búsqueda del hospedador, alimentación y oviposición que puede contribuir a la obtención de nuevos compuestos que median interacciones intra e interespecíficas para insectos de interés agronómico, particularmente *A. grandis*, sus plantas hospedantes y microorganismos, aportando conocimiento que puede ser integrado a otras tácticas de control ambientalmente sustentables.

## NUEVAS ESTRATEGIAS DE CONTROL DE PLAGAS MEDIANTE ARN INTERFERENTE (ARNi)

Salvador R.<sup>1</sup>, L. Maskin<sup>2</sup>, M. Turica<sup>2</sup>, J. Niz<sup>1</sup>, A. Pedarros<sup>1</sup>, D. Lewi<sup>2</sup>, E. Hopp<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMyZA), Centro de investigaciones en Ciencias Agronómicas y Veterinarias (CICVyA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Genética "E. A. Favret", G.V. al IABIMO (INTA- CONICET), Centro de Investigaciones en Ciencias Agronómicas y Veterinarias (CICVyA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y Laboratorio de Agrobiotecnología DFBMC, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: salvador.ricardo@inta.gov.ar

El agroecosistema algodón argentino es afectado por la acción de diferentes insectos, entre los que se destaca el coleóptero *Anthonomus grandis*, comúnmente denominado "picudo del algodón", el cual es considerado la plaga más destructiva del cultivo. La principal estrategia para disminuir la acción de este insecto se basa en el uso de insecticidas de síntesis, los cuales no logran un control efectivo del mismo. También, este coleóptero es resistente a la totalidad de endotoxinas insecticidas procedentes de la bacteria *Bacillus thuringiensis* (*Bt*), que se expresan en las diferentes variedades de algodón transgénico que se siembran en Argentina. Entre las estrategias alternativas que se han evaluado en las últimas décadas para el control de insectos, se distingue el uso de ARN interferente (ARNi) o silenciamiento génico. Con estos términos se define un mecanismo que, mediado por ARN doble cadena (ARNdc) con secuencias homólogas a un gen blanco, produce el bloqueo de la expresión del mismo. En Argentina, recientemente se obtuvieron plantas transgénicas de algodón transformadas para la expresión de ARNdc contra un gen esencial de *A. grandis*, las cuales están siendo evaluadas a campo. En paralelo, se están desarrollando nuevos eventos de algodón transgénico que sean capaces de sintetizar de forma simultánea, ARNdc diseñado contra diferentes genes de *A. grandis*, y cuya expresión sea específicamente en el botón floral de la planta, principal órgano afectado por este insecto.

## **GENÉTICA DE ALGODÓN: UN COMPONENTE ESTRATÉGICO PARA GENERAR INNOVACIÓN EN LA PRODUCCIÓN ALGODONERA**

Tcach M. EEA Sáenz Peña – INTA, Chaco, Argentina; Genética y Mejoramiento UNCAUS, Chaco, Argentina. E-mail: tcach.mauricio@inta.gob.ar

En 1923 se fundó en Argentina un programa de investigación en el cultivo de algodón, cuyos participantes fueron: Ivan Bonacic, Alex Montenegro, Monica Spoljaric, Ariela Gonzalez, Nydia Tcach, Lorena Klein, Diego Bela, María Simonella y Daniel Ojeda. El programa se concentró principalmente en la Estación Experimental de Presidencia Roque Sáenz Peña, Chaco. Con la creación del INTA en 1956 se consolidó un proyecto de mejoramiento genético que generó, un año más tarde, la primera variedad obtenida a partir de cruzamientos, llamada SP Toba INTA. Luego de este desarrollo, fueron difundidas en Argentina 28 variedades, hasta 2018. Como resultante del progreso genético podemos destacar incrementos en la productividad, de 4 kg de fibra/ha/año desde 1956. Además, se produjeron mejoras en la longitud de fibra de 26 mm a 30 mm en las variedades actuales, y en la resistencia de la misma. Una de las características de mayor relevancia es la incorporación de resistencia genética a las principales enfermedades de incidencia económica como bacteriosis y enfermedad azul. Actualmente, el programa de mejoramiento se compone de la generación y evaluación anual de 300 líneas experimentales entre  $F_1$  a  $F_{10}$  de las que un 10% se evalúa en otros ambientes. El proceso involucra la mejora convencional y obtención de variabilidad novedosa a partir de técnicas biotecnológicas y de muta-génesis. Se destaca como relevante en los últimos años la selección de líneas genéticas tolerantes a las imidazolinonas, característica inédita ya que no se conocen variedades comerciales con esta tolerancia en los diversos países algodoneros.

---

## PROSPECCIÓN Y MEJORAMIENTO DE FRUTALES EXÓTICOS Y NATIVOS DE IMPORTANCIA PARA EL NORTE ARGENTINO

Coordinador: Guillermo R. Pratta Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONCIET-UNR, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: pratta@iicar-conicet.gov.ar

En el norte argentino se produce una variedad de frutales, nativos y exóticos, como chilto (*Solanum betaceum* Cav.) en el noroeste, ubajay (*Eugenia myrcianthes* Nied) en Entre Ríos, cítricos (*Citrus* spp.) en la Mesopotamia y banana (*Musa x paradisiaca* L.) en Formosa. Los dos primeros cultivos son nativos y los últimos, exóticos, pero en todos los casos el trabajo de prospección y mejoramiento convencional y asistido por biotecnologías ha permitido disponer de una variabilidad genética única en el mundo, con adaptaciones a los desafíos que implican la producción en las condiciones ambientales de Argentina. El objetivo de este simposio es actualizar los trabajos que distintos grupos del país vienen realizando, compartiendo experiencias locales y brindando la oportunidad de intercambiar experiencias durante el desarrollo del L Congreso Argentino de Genética y II Jornadas Regionales SAG-NEA.

---

### EXPLORANDO LA DIVERSIDAD EN POBLACIONES LOCALES DE CHILTO (*Solanum betaceum* Cav.), UN FRUTAL ANDINO CON POTENCIAL VALOR PRODUCTIVO

Caruso G.B.<sup>1,2</sup>, C.Y. Lamas<sup>1,3</sup>, F. Yañez Yazle<sup>3</sup>, V.G. Broglio<sup>1,2</sup>, E. Giamminola<sup>1,3</sup>, M. Urtasun<sup>1,3</sup>, M.N. Morandini<sup>1,2</sup>, I. Cornejo<sup>1</sup>, G.R. Pratta<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>Banco de Germoplasma de Especies Nativas, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina; <sup>2</sup>Consejo de Investigación, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina; CCT Salta-Jujuy CONICET, Argentina; <sup>4</sup>IICAR, CONICET-UNR, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: gbcaruso67@gmail.com

El chilto o tomate de árbol, *Solanum betaceum* Cav., considerado un cultivo “subutilizado”, es un árbol frutal de los Andes subtropicales, posiblemente con origen en las yungas de Bolivia y Argentina y domesticación prehispánica. A pesar de que su cultivo se ha difundido a otros países, como Nueva Zelanda que lo produce y exporta, es necesaria la conservación *in situ*, dirigida al mantenimiento y recuperación de poblaciones viables en el entorno donde han evolucionado sus caracteres distintivos. En Argentina, algunas comunidades lo cultivan en huertas y recolectan frutos de pequeñas poblaciones silvestres. Actualmente se realizan acciones para promover su producción y consumo, aunque su expansión se vería beneficiada con la diferenciación de variedades y la mejora en la calidad de la fruta, lo que requiere contar con información de la diversidad disponible. Se caracterizaron poblaciones de Salta y Jujuy con descriptores morfológicos de fruto y semilla y se evaluó la transferibilidad de marcadores SSR de *Solanum lycopersicum* L. al chilto. Se estudiaron aspectos de la biología floral y realizaron experimentos de polinización controlada. Se encontró amplia variabilidad fenotípica dentro y entre poblaciones, especialmente en relación al tamaño y color de los frutos. Se seleccionaron marcadores SSR para estudiar la diversidad genética. Se observó la existencia de autocompatibilidad, aunque requiere de un agente polinizador. La información obtenida, además de importante para la conservación del chilto, es valiosa para la selección de materiales destinados a una colección con fines de mejoramiento.

---

### AVANCES EN EL ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE *Hexachlamys edulis* (O. Berg) Kausel & D. Legrand (UBAJAY), UNA ESPECIE FRUTAL SUBUTILIZADA

Povilonis I.S.<sup>1,2</sup>, M.E. Arena<sup>1,2</sup>, S. Radice<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Fisiología Vegetal, Instituto de Ciencias de la Vida, SeCyT – Rectorado, Universidad de Morón, Morón, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>CONICET, CABA, Argentina. E-mail ipovilonis@unimoron.edu.ar

El ubajay es un árbol nativo de Sudamérica destacado por su fruto comestible con valor nutracéutico. Conocer la variabilidad es el primer paso en el mejoramiento. El objetivo de este trabajo fue estimar la variabilidad fenotípica de los frutos cosechados en noviembre de 2019. Se eligieron tres poblaciones distribuidas en Entre Ríos en Concordia, El Palmar y Gualeguaychú (n=17). En el fruto se midió la actividad antioxidante, los fenoles totales, los carotenoides, las clorofilas a y b, la acidez total titulable, los sólidos solubles, la relación sólidos solubles/acidez total titulable, el peso fresco y seco, el diámetro ecuatorial y polar y el número y peso seco de semillas. Se realizó un análisis de componentes de varianza con dos factores aleatorios anidados aplicando modelos lineales generales o generalizados. Los componentes de la variabilidad se correspondieron a los niveles de interpoblación, intrapoblación e intraindividuo. Los resultados se expresan en porcentaje promedio de la variabilidad total explicada por los parámetros químicos y físicos. Para los primeros, se observó que la variabilidad interpoblacional fue de 27,7%, mientras que un 44,4% de la variabilidad correspondió al nivel intrapoblación. Por otro lado, en los físicos la variabilidad interpoblacional fue de 8,8%, mientras que un 38,5% de la variabilidad correspondió al nivel intrapoblación. A pesar de las diferencias climáticas entre los sitios de estudio, se observó mayor variabilidad fenotípica entre individuos de una misma población que entre poblaciones.

## MEJORAMIENTO ASISTIDO POR ESTRATEGIAS BIOTECNOLÓGICAS PARA CONFERIR PROTECCIÓN FRENTE A ENFERMEDADES EN CÍTRICOS

Conti G.<sup>1,2</sup>, M. Conte<sup>1</sup>, F.N. Bekier<sup>1</sup>, R. Machado<sup>4</sup>, A. Badaracco<sup>6</sup>, C.A. Reyes<sup>3</sup>, A.M. Gochez<sup>5</sup>, C. Lezcano<sup>5</sup>, R. Escobar<sup>5</sup>, N. Almasia<sup>1</sup>, V. Nahirñak<sup>1</sup>, C. Vázquez-Rovere<sup>1</sup>, B.I. Canteros<sup>5</sup>, H.E. Hopp<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Biotecnología y Biología Molecular, CONICET-UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Estación Experimental Agropecuaria INTA Concordia, Entre Ríos, Argentina; <sup>5</sup>Laboratorio de Patología de Cítricos, EEA INTA Bella Vista, Corrientes, Argentina; <sup>6</sup>Estación Experimental Agropecuaria INTA Montecarlo, Misiones, Argentina. E-mail: conti.gabriela@inta.gob.ar

Los cítricos son severamente afectados por enfermedades. Algunas de las plagas de control obligatorio en nuestro país son las bacteriosis provocadas por *Xanthomonas citri subsp. citri* (ex Hasse) Gabriel (Cancrosis) y *Xylella fastidiosa* Wells (Clorosis Variegada). Por otro lado, la enfermedad Huanglongbing causada por la bacteria *Candidatus Liberibacter spp.* (CLAs), devastadora para todos los cultivos cítricos a escala mundial, avanza de manera preocupante en varias regiones cítricas del territorio nacional. Las estrategias biotecnológicas se presentan como alternativas muy promisorias para el manejo sustentable de estas y otras enfermedades. Entre ellas, la sobreexpresión de péptidos antimicrobianos (AMPs) de origen vegetal, como Snakin-1 de *Solanum tuberosum* L., cuyos efectos antimicrobianos han sido demostrados en otras especies, fue utilizado para desarrollar portainjertos Troyer citrange transgénicos. Actualmente se están desarrollando ensayos de desafíos frente a CLAs en las líneas transgénicas obtenidas y ya se demostró que algunas de ellas presentan tolerancia frente a *X. citri subsp. citri*. A su vez se están empleando otras estrategias enfocadas en el uso de AMPs propios de cítricos en combinación con promotores y proteínas que favorecen su acumulación en el floema para conferir protección mediante estrategias de intragénesis. Las técnicas de edición génica permitirán además modificar potenciales genes de susceptibilidad. El desarrollo de organismos transgénicos, intragénicos y/o editados, ofrecerá potenciales alternativas de origen nacional para el manejo del HLB y otras bacteriosis de cítricos.

## RECURSOS GENÉTICOS DE BANANA (*Musa spp.*) EN ARGENTINA, SU VARIABILIDAD Y USO EN MEJORAMIENTO PARA EL CULTIVO EN CONDICIONES SUBTROPICALES

Tenaglia G.C<sup>1</sup>, G.R Pratta<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Área de Investigación Para la Agricultura Familiar en el NEA (AIPAF-NEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Santa Fe, Argentina. Email: tenaglia.gerardo@inta.gob.ar

La región subtropical húmeda de la provincia de Formosa, en el Nordeste Argentino (Lat. -25,2024130; Long. -58,1212980), presenta una zona de condiciones climáticas para el cultivo de banana (*Musa spp.*). Los materiales de este cultivo son una mezcla de clones indiferenciados del subgrupo Cavendish. En la selección de material genético adaptado, el primer enfoque fue el análisis sobre las condiciones agroclimáticas en las cuales deberá desarrollarse el material, en producción hacia el 2025–2030. El segundo enfoque fue determinar el grado de polimorfismo fenotípico y molecular existente entre los clones cultivados por Agricultores Familiares. En 2012 se marcaron, en la región subtropical norte de Formosa, 684 clones que mostraron estabilidad de rendimiento. Los criterios de selección fueron resiliencia, ciclo, rendimiento y forma de las manos. Un total de 140 clones seleccionados se implantaron en diseño estadístico aumentado. Con cuatro ciclos de producción, 36 variables (fenológicas, comportamiento a campo y productivas) registradas, marcadores moleculares y datos climáticos se construyó un índice de selección, del cual se desprenden tres Variedades Sintéticas, cada una de ellas conformadas por cuatro Líneas Avanzadas Inta (LAI). En las tres variedades se ha tenido especial atención a las características comerciales, algo esencial para llegar a los mercados. La selección de materiales con características distintas es muy importante en un ambiente variable, las variedades sintéticas nos parecen adecuadas para este tipo de situación, otorgándole mayor resiliencia.

---

## ESTUDIOS DE GENOTOXICIDAD EN ARGENTINA UTILIZANDO MODELOS ANIMALES NO HUMANOS

Coordinadoras: Nancy B. Andrioli y Mariela Nieves. Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), DEGE-FCEyN-UBA, Buenos Aires, Argentina; Centro de Investigaciones en Reproducción Humana y Experimental (CIRHE)-CEMIC, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mariela.nieves5@gmail.com; nancyandrioli@gmail.com

Las interacciones de agentes exógenos con el genoma de los organismos pueden afectar su integridad y estabilidad en términos estructurales y funcionales. En este sentido, el conocimiento de los genomas, es un aspecto que permite explicar las respuestas a la exposición a agentes de interés terapéutico o ambiental, recurriendo a abordajes mecánicos por medio de distintos biomarcadores de efecto. La complejidad y diversidad en la organización espacial y dinámica de la cromatina en distintas especies, confiere a los genomas diferente grado de estabilidad y por lo tanto susceptibilidad frente a la injuria. Las metodologías aplicadas para evaluar el potencial genotóxico de agentes químicos se basan en el diseño de baterías de ensayos en modelos biológicos tan diversos como bacterias, plantas, invertebrados y vertebrados. Por lo tanto, los estudios genotoxicológicos comparativos entre diferentes grupos zoológicos, pueden constituir un aporte fundamental al proponer diseños experimentales específicos, basados en el uso de biomarcadores citogenéticos y moleculares que den cuenta de los cambios estructurales y funcionales de cada genoma comprendiendo la influencia del contexto propio de la especie. La presencia de plaguicidas en el ambiente reviste cada vez mayor preocupación por el impacto que estos pueden tener en los ecosistemas, con repercusiones en la salud a corto y largo plazo, de las poblaciones animales que los habitan e incluso de las personas. Es por esto, que los conocimientos mencionados contribuyen tanto a poner en valor modelos biológicos que permitan la evaluación de agentes de interés y profundizar en los estudios de dinámica genómica y funcionalidad de diferentes grupos zoológicos.

## LOS PRIMATES NO HUMANOS COMO MODELO DE ESTUDIO EN LA RESPUESTA DEL GENOMA POR EXPOSICIÓN A AGROQUÍMICOS

Nieves M.<sup>1</sup>, E.O. Ferreras<sup>1</sup>, C. Páez<sup>1,2,3</sup>, A. Laudicina<sup>4</sup>, C. Plez Ragusa<sup>5,6</sup>, A.G. Cardozo<sup>5</sup>, T. Manzur<sup>1</sup>, A.D. Bolzán<sup>5,6</sup>, N.B. Andrioli<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones en Reproducción Humana y Experimental (CIRHE)-CEMIC, CONICET, C.A.B.A., Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Universidad Nacional de San Martín, Campus Miguelete, San Martín, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), FCEyNUBA, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires - Consejo de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad de Buenos Aires (IEGEB-CONICET), Ciudad Universitaria, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Lexel SRL, C.A.B.A., Buenos Aires, Argentina; <sup>5</sup>Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CONICET-UNLP-CICPBA, La Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>6</sup>Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mariela.nieves5@gmail.com

El conocimiento de la estructura y dinámica de los genomas, permite estudiar su respuesta frente a la exposición a xenobióticos de interés terapéutico o ambiental, obteniendo información sobre el riesgo de su exposición. Los linfocitos de sangre periférica (LSP) provenientes de primates no humanos, utilizados como sistema *in vitro*, permiten evaluar la inestabilidad genómica inducida por agroquímicos. Estudiamos la respuesta de los genomas de *Sapajus* (Kerr, 1792) spp. (Platyrrhini, Cebidae) y *Macaca fascicularis* (Raffles, 1821) (Catarrhini, Cercopithecoidea) ante la exposición a Tiabendazol (TBZ) y Zineb (ZNB), fungicidas de conocida acción genotóxica, a partir de cultivos de LSP de cuatro individuos de cada especie provenientes del bioterio del CIRHE-CEMIC. Se analizaron biomarcadores de inestabilidad cromosómica, se utilizó FISH con sondas centroméricas (especie-específicas) y panteloméricas (vertebrados) y se estudiaron los cambios en los patrones basales, producidos como respuesta a la exposición. Los resultados obtenidos hasta el momento, indican que ambas especies responden a la exposición a TBZ, con inducción de aberraciones teloméricas, puntualmente duplicaciones y pérdidas de señales. Además, en baja frecuencia, se observaron fragmentos acéntricos y cromosomas incompletos, no observados en los controles negativos. A partir de la caracterización de las respuestas observadas, será posible inferir mecanismos asociados las particularidades de cada genoma que afectan su estabilidad y por lo tanto su potencial como modelo.



## LA BATALLA DE LOS YACARÉS: UNA ESPECIE MODELO PARA EVALUACIÓN DE CONTAMINACIÓN AMBIENTAL POR PLAGUICIDAS A TRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES

Odetti L.M.<sup>1,2</sup>, B. Stringhini<sup>1</sup>, C.M. Colman Laróvere<sup>1</sup>, M.F. Simoniello<sup>1</sup>, G.L. Poletta<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Toxicología, Farmacología y Bioquímica Legal, FBCB-UNL, Ciudad Universitaria, Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina; <sup>3</sup>Proyecto Yacaré (MAyCC, Gob. de Santa Fe), Santa Fe, Argentina. E-mail: luodetti@hotmail.com

En Argentina, las poblaciones naturales de caimanes se ven afectadas por la pérdida de hábitat producto de la expansión agrícola, que trajo aparejado un aumento exponencial en el uso de plaguicidas. En este contexto se ha demostrado que los plaguicidas inducen genotoxicidad, daño oxidativo y alteraciones enzimáticas en *Caiman latirostris* (Daudin, 1802). Desde hace algunos años, las alteraciones en los patrones de expresión génica ofrecen nuevas perspectivas sobre el papel de los genes en el contexto de toxicidad. Estos cambios son inmediatos y generalmente más sensibles que los puntos finales utilizados tradicionalmente en toxicología. En este sentido, pudimos determinar en diferentes tejidos de yacaré overo la expresión de genes que codifican proteínas intervinientes en sistemas de defensa antioxidante (*cat* y *sod*), que controlan el ciclo celular (*p53*, *Parp-1*, *bax* y *bcl2*) y de biotransformación (*p450* y *gst*), con el fin de proponerlos como biomarcadores de exposición a xenobióticos. En estudios de exposición de embriones y neonatos a formulaciones de glifosato, cipermetrina y clorpirifos, por separado y en mezcla simulando condiciones similares a las que ocurren en los ambientes naturales, se comprobó la alteración en la expresión de genes de la vía antioxidante. La identificación de marcadores sensibles de exposición a nivel molecular aporta nuevos conocimientos sobre los mecanismos de toxicidad, necesarios para alcanzar una visión holística de sus consecuencias ecotoxicológicas en las especies autóctonas.

## ANTIPARASITARIOS USADOS EN LA PRODUCCIÓN DE CARNE VACUNA: GENOTOXICIDAD EN BOVINOS Y EL RIESGO PARA LA SALUD PÚBLICA

Ferré D.M.<sup>1,2</sup>, Carracedo R.T.<sup>2</sup>, Heredia R.<sup>2</sup>, Ludueña H.R.<sup>2</sup>, Gorla BNM.<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; <sup>2</sup>Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción, Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza, Argentina. E-mail: danielamarisolverre@gmail.com

Las parasitosis internas y externas generan gastos en el manejo sanitario y pérdidas productivas en ganadería. En Mendoza, hemos relevado que los antiparasitarios usados en los bovinos para carne son, en orden decreciente de uso: ivermectina, cipermetrina (CIP), CIP combinado con clorpirifos (CPF), albendazol, prazicantel, alfa-cipermetrina y doramectina. Los residuos de antiparasitarios en los alimentos de la población afectan la inocuidad del producto, y por ello es recomendable conocer su potencial de toxicidad. Hemos evaluado el potencial genotóxico de CIP + CPF mediante el ensayo de micronúcleos con bloqueo de la citocinesis (CBMN) *ex vivo* en bovinos tratados con una dosis terapéutica. El ensayo también lo realizamos *in vitro* en linfocitos bovinos expuestos a cinco concentraciones de CIP, CPF y CIP+CPF. No hubo diferencias significativas entre las frecuencias de células con micronúcleos (Mn) antes y 24 h después del tratamiento. Observamos células con núcleos de morfología irregular, y presentación simultánea de brotes nucleares y Mn. En el estudio *in vitro* detectamos, en función del aumento de las concentraciones, una disminución del índice de proliferación celular, un aumento de Mn y de células con brotes. La dieta es la principal vía de exposición a los antiparasitarios usados en bovinos, y existe falta de información respecto al potencial daño que pueden generar al material genético. Residuos de CIP y CPF pueden estar presentes no solo en la carne sino también en frutas y verduras de producción local, debido a que son también usados como plaguicidas agrícolas.

## **GENOTOXICIDAD EN CANINOS Y MEDICINA TRASLACIONAL: UN APORTE PROTAGÓNICO DE NUESTRAS MASCOTAS**

Caliri M.N.<sup>1,2</sup>, Gómez M.<sup>2</sup>, Ferré D.M.<sup>1,2</sup>, Gorla N.B.M.<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; <sup>2</sup>Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción, Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza, Argentina. E-mail: martinacaliri23@gmail.com

Los antiparasitarios externos, ampliamente utilizados en caninos para el control de insectos y ácaros, se presentan en una gran variedad de formulaciones: pipetas, champús, talcos, aerosoles. Uno de los más aplicados en mascotas y ambientes es la cipermetrina (CIP). Este piretroide tipo II es moderadamente peligroso (WHO) y posible carcinógeno para los humanos (EPA). Existen reportes de caninos con toxicidad aguda a CIP y evaluaciones de genotoxicidad en ratones, peces y linfocitos humanos. Dado su extenso uso en caninos, el objetivo fue evaluar el potencial efecto de CIP en cromosomas de linfocitos caninos con tres concentraciones no citotóxicas. Se obtuvo una fotogalería de alteraciones cromosómicas (AC) en caninos, inexistente en la bibliografía. La cantidad de AC aumentó en promedio de 3 a 14 veces en los cultivos con CIP, principalmente se observó rotura de cromátida y asociación telomérica, en curva concentración- respuesta no monotónica. Los caninos ocupan un lugar central en los hogares, con una interacción estrecha con las personas, expuestos también a muchos de los mismos factores de riesgo del ambiente, como son los piretroides, sospechosos de efectos moleculares, celulares y fisiológicos. Viven menos años que las personas por lo que pueden desarrollar más precozmente enfermedades comunes a ambas especies. En medicina traslacional, el canino surge como modelo animal con numerosas ventajas en relación a los tradicionales roedores: una mayor homología genética con el humano, gran similitud en los mecanismos fisiopatológicos y presentación clínica de enfermedades.

---

## MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ARROZ

Coordinador: José Colazo. INTA, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. E-mail: colazo.jose@inta.gob.ar

El arroz es el principal cereal destinado a la alimentación humana. En Argentina, la provincia de Corrientes es la principal productora de este cultivo. Durante la campaña 2020-2021, se sembraron 91500 hectáreas que aportaron el 50% de la producción a nivel nacional. En comparación con otros *commodities*, es el cultivo que más puestos de trabajo genera por hectárea producida. El aporte social y económico no solo se genera a nivel primario, sino que se traslada a la puesta de valor agregado a través de la industrialización de su grano y la captación de divisas con la exportación. En la Argentina, el mejoramiento genético de este cultivo está orientado a generar variedades de alta productividad y calidad de grano. Las capacidades técnicas y operativas en mejoramiento genético están implantadas en el sector público y privado, con fuerte articulación entre ambas. Los cultivares generados a nivel nacional, no sólo son de amplia adopción en nuestro territorio, sino que están presentes dentro de los cultivares más utilizados en Latinoamérica

---

## MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ARROZ EN INTA

Colazo J.L. Grupo de Mejoramiento Genético de Arroz, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. E-mail: colazo.jose@inta.gob.ar

La exigencia actual de los programas de mejoramiento genético es la de sostener los altos rendimientos y calidad de grano de las variedades actuales con el desafío de disminuir la huella ambiental generada por el cultivo. A esto se suma la necesidad de variedades resilientes a una creciente inestabilidad ambiental provocada por una mayor frecuencia de situaciones extremas de estrés biótico y abiótico. Las líneas de investigación del programa están enfocadas en potenciar la selección de alelos favorables mediante la optimización de metodologías sencillas de fenotipificado y genotipificado de los criaderos. En lo productivo, la aparición de malezas resistentes a herbicidas amenaza el aumento de rendimiento logrado en la última década con la tecnología *clearfield* en arroz. Se cuenta con dos nuevas fuentes de resistencia a herbicida no transgénicas (PROVISIA® y SUR 15 INTA) para el desarrollo de cultivares con diferentes modos de acción que facilite el uso de rotaciones y evite la selección de malezas. La diversificación de la producción con nuevas variedades de arroces especiales (doble carolina, aromáticos, arbórios, corto japonés) adaptadas a nuestros ambientes productivos permitirá acceder a nichos de mercados de alto valor. La genética de INTA no sólo ha tenido un impacto profundo en nuestro país; actualmente está presente en el 80% del área de Rio Grande Do Sul, Brasil, Uruguay, Paraguay, Costa Rica, Rep. Dominicana, Panamá, Nicaragua, Italia, Estados Unidos y Colombia.

---

## TREINTA AÑOS DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ARROZ EN LA ARGENTINA

Livore A.B. INTA, Argentina. E-mail: alivore@yahoo.com.ar

“Veinte años no es nada”, dice A. Lepera en el tango *Volver*, sin embargo 30 años de trabajo en mejoramiento genético de una especie vegetal anual es un período lo suficientemente importante para obtener logros de alto impacto. Esta presentación es una narrativa de los acontecimientos, los protagonistas y los resultados de una historia que se inicia con los ideales de los años sesenta/setenta y se desarrolla hasta la actualidad. El arroz en Argentina, a diferencia del resto del mundo, es un cultivo de importancia económica sólo regional. Afortunadamente el arroz, es el cereal modelo para los estudios genéticos y por lo tanto los progresos en el conocimiento en todo el mundo,

han sido una ventaja para los programas de mejoramiento en general. Paralelamente esas mismas ventajas establecieron un mayor nivel de competencia con los programas de los países productores de arroz. Debimos competir con los programas de países donde el arroz tiene una importancia estratégica y donde la investigación recibe un apoyo significativo. Argentina exporta el 70% de su producción, razón por la cual es imperioso atender la demanda de los consumidores externos. Asimismo, nuestra participación en el mercado externo no tiene impacto por volumen. Ese escenario nos condujo a extremar nuestros esfuerzos y priorizar nuestros recursos para obtener variedades que se distinguieran por su calidad industrial y culinaria. Ese atributo y la resistencia NO transgénica a herbicidas imidazolinonas (IMI), nos colocó como el programa líder de la región y logró que nuestra tecnología fuese adoptada en toda América y Europa.

---

## PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO EN CULTIVOS DE ARROZ ADECOAGRO

Ruiz Diaz M.J. Semillero Itá Caabó –Adecoagro, Mercedes, Corrientes, Argentina. E-mail: mruizdiaz@adecoagro.com

Antiguamente, la producción de arroz se cultivaba en zonas tropicales de Asia, pero con el transcurso del tiempo se fue adaptando a diferentes regiones y distintos continentes. América se posiciona en el segundo puesto entre los principales continentes productores de arroz a nivel mundial, con una participación estimada del 5% de la producción global. Argentina, cuenta con variedades de alto rendimiento, que poseen una calidad culinaria superior, además de ser resistentes a plagas y enfermedades, por lo que nos posiciona en un lugar de privilegio como exportador en el mercado internacional. Dentro de los principales factores que definen la rentabilidad de la empresa, está el aumento en rendimiento por unidad de área, con la consiguiente reducción de costos por tonelada producida, y la calidad industrial del producto cosechado. Con el objetivo de colaborar en el resultado, debemos aportar materiales que posean el mayor potencial de rendimiento con los mismos recursos o bien mayor respuesta a insumos que haga eficiente el uso de los mismos; esto se logra en gran parte mediante la implementación de un programa de Mejoramiento Genético. Nos centramos en desarrollar nuevas variedades e híbridos, desarrollar y validar nuevas tecnologías dentro del contexto logístico de un programa de mejoramiento aplicado. Esto incluye investigación sobre selección asistida por marcadores, selección genómica, metodologías de fenotipificado y sistemas de gestión de datos, cruzamientos y retro cruzamientos asistidos, como también cultivo de anteras.

---

## DETRÁS DEL ORIGEN DEL ARROZ MALEZA EN ARGENTINA

Presotto A.<sup>1</sup>, F. Hernández<sup>1</sup>, R.B. Vercellino<sup>1</sup>, D. Kruger<sup>2</sup>, L. Fontana<sup>2</sup>, S. Ureta<sup>1</sup>, J. Barnett<sup>3</sup>, X. Li<sup>3</sup>, M. Crepy<sup>4</sup>, G. Auge<sup>5</sup>, A. Caicedo<sup>3</sup>. <sup>1</sup>CERZOS-CONICET, Departamento Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>EEA INTA Corrientes, Corrientes, Argentina; <sup>3</sup>Department of Biology, University of Massachusetts Amherst, Amherst, USA; <sup>4</sup>EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina; <sup>5</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, CONICET-iB3, Universidad Nacional de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: apresotto@uns.edu.ar

El arroz maleza (AM) es una problemática común en la mayoría de las regiones arroceras del mundo y su origen se relaciona principalmente con eventos de de-domesticación de cultivares de arroz. En Argentina, el AM es una de las principales limitantes del cultivo de arroz, aunque se desconoce el origen de estos biotipos. El objetivo de este trabajo fue estudiar la estructura genética e inferir el origen de los biotipos de AM argentinos. Mediante genotipificado por secuenciación se analizaron 64 individuos de arroz, 59 biotipos de AM (provenientes de Corrientes, Entre Ríos, Santa Fe, Chaco y Formosa) y cinco variedades cultivadas en Argentina. Las secuencias fueron comparadas con la base de datos disponible de AM y cultivo (accesiones de Estados Unidos, Colombia, España, y Asia), de la UMass Amherst. Cuando se compararon con las malezas, cultivares y silvestres de otras

partes del mundo, el AM argentino se agrupó con cultivares y malezas de los grupos *aus*, *indica* e híbridos entre ambos grupos. Los cultivares argentinos pertenecieron a los tres grandes grupos: *indica*, *aus* y *japonica*. Los análisis realizados (e.g. PCA,  $F_{ST}$ , árbol filogenético) permitieron asociar a la mayoría de los AM argentinos junto a los cultivares argentinos. Estos resultados indicarían que gran parte de los biotipos AM argentinos evolucionaron a partir de variedades cultivadas en nuestro país.

---

## REPARACIÓN DEL ADN Y ENFERMEDAD

Coordinadora: Dra. María Fernanda Alu. Hospital de Pediatría Garrahan. fefe.alu@gmail.com

El ADN es la única molécula en la célula que no se recambia, de manera que ante cualquier lesión, debe repararse para conservar la integridad genómica y funcional de la célula. Dentro de las lesiones más dañinas que afectan al ADN, se encuentran los enlaces covalentes cruzados, que son reconocidos, eliminados y reparados por 22 genes de la vía FA/BRCA mediante recombinación homóloga (RH). Cuando la vía FA/BRCA falla, la reparación se realiza mediante vías alternas propensas a error, como la unión de extremos no homólogos, esto causa daño genómico y enfermedad. Un cigoto con variantes patogénicas bialélicas en genes pertenecientes a la vía FA/BRCA, será un paciente con anemia de Fanconi, mientras que si ocurren en células somáticas podrían causar cáncer.

### PRINCIPALES VÍAS DE REPARACIÓN DEL ADN. RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA Y NO HOMÓLOGA

Frías S.<sup>1,2</sup>, B. García de Teresa<sup>2</sup>, M. Fiesco-Roa<sup>2,3</sup>, B. Molina<sup>2</sup>, S. Sánchez<sup>2</sup>, L. Torres<sup>2</sup>, U. Juárez-Figueroa<sup>2</sup>, A. Rodríguez.<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup>Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México; <sup>2</sup>Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México; <sup>3</sup>Posgrado en Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México. E-mail: sarafrias@iibiomedicas.unam.mx

La anemia de Fanconi (AF) es un síndrome de inestabilidad cromosómica, con una prevalencia de 1-9/millón de personas. Se origina por la falla de uno de los 22 genes (*FANCA-W*) que conforman la vía FA/BRCA, encargada de la reparación de enlaces covalentes que entrecruzan las dos hebras del ADN (ECC). En fase S, un ECC se reconoce por FANCM, que activa los sensores de daño y recluta el complejo central compuesto por 8 AF, encargado de ubiquitinar, al heterodímero FANCD2-I. Esta es la señal para reclutar a las 11 proteínas AF efectoras de la reparación por recombinación homóloga (RH). RH es un mecanismo libre de error que corta el ECC, genera una rotura de doble hebra y el segmento de ADN con lesión lo reemplaza por una copia del ADN correcto que se encuentra en la cromátida hermana. Cuando la vía FA/BRCA no es funcional, las roturas se canalizan a una vía de reparación propensa a error que une los dos extremos con un mínimo (o en ausencia) de homología, llamada unión de extremos no homólogos en donde intervienen las proteínas Ku70/80 y ligasa IV, entre otras. La consecuencia de la falla de la vía FA/BRCA es la generación de aberraciones cromosómicas estructurales como figuras radiales, translocaciones y dicéntricos y roturas cromatídicas, isocromatídicas y fragmentos cromosómicos. Esta inestabilidad cromosómica es una característica celular constante en los pacientes AF, que permite realizar el diagnóstico citogenético independientemente del gen afectado.

### CONSECUENCIAS CELULARES DE LA ALTERACIÓN DE LA VÍA DE REPARACIÓN POR RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA

Rodríguez A.<sup>1,2</sup>, B. García de Teresa<sup>1</sup>, C. Ayala-Zambrano<sup>1,2,3</sup>, M. Velázquez<sup>4</sup>, U. Juárez-Figueroa<sup>1</sup>, M. Fiesco-Roa<sup>1</sup>, S. Frías<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México; <sup>2</sup>Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México; <sup>3</sup>Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM, México; <sup>4</sup>Department of Radiation Oncology, Dana Farber Cancer Institute, Boston, USA. E-mail: alfredo.rodriguez@iibiomedicas.unam.mx

La recombinación homóloga (RH) repara las rupturas de doble hebra (RDH) en el ADN y colabora con la vía FA/BRCA para reparar enlaces covalentes cruzados (ECC). Las deficiencias congénitas en esta vía producen Anemia de Fanconi (AF), un síndrome hereditario de falla medular con predisposición a cáncer. Las células AF toman decisiones celulares entre la apoptosis o la sobrevivencia celular (a pesar del daño genómico). Exceso de apoptosis produce atrofia tisular, mientras que la sobrevivencia de células con ADN dañado promueve la aparición de clonas malignas. En este trabajo investigamos a múltiples niveles los mecanismos moleculares involucrados en la toma de decisión en células AF; para ello utilizamos la secuenciación unicelular de ARN (scRNAseq) de células CD34+ de pacientes con AF y un modelo de ratón AF para estudiar la hematopoyesis adulta y el desarrollo embrionario. El scRNAseq en células CD34+ mostró co-sobreexpresión del proto-oncogén *MYC* (el cual promueve la proliferación celular a expensas del daño) y del gen supresor de tumores *TP53* (el cual promueve la apoptosis). La secuenciación de ARN de embriones de ratón AF mostró sobreexpresión de los genes *Myc* y *Trp53* durante el desarrollo embrionario; y el estudio de la hematopoyesis adulta en ratón mostró que los estímulos pro-inflamatorios activan la expresión del oncogén *MYC*. Nuestros resultados muestran que las células AF, deficientes en la reparación del ADN, son dependientes de la proteína *MYC* para activar la proliferación, lo cual contrarresta los efectos anti-proliferativos de p53.

---

## FENOTIPO FÍSICO Y HEMATOLÓGICO COMO RESULTADO DE LA INESTABILIDAD GENÓMICA EN ANEMIA DE FANCONI

García de Teresa B.<sup>1</sup>, M. Fiesco-Roa<sup>1,2</sup>, S. Frías<sup>1,3</sup>, A. Rodríguez<sup>1,3</sup>, A. Monsivais<sup>1</sup>, M. Ortiz<sup>4</sup>, MM. Saez de Ocariz<sup>1</sup>, A. Venegas<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México; <sup>2</sup>Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México; <sup>3</sup>Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México; <sup>4</sup>Nuevo Hospital Civil de Guadalajara Dr. Juan I. Menchaca, Guadalajara, Jalisco, México. E-mail: b.garciadeteresa@gmail.com

La vía FA/BRCA es una vía de reparación del ADN que corrige los enlaces covalentes cruzados, que son lesiones nocivas para las células, pues unen covalentemente las hebras del ADN. La disfunción de la vía FA/BRCA resulta en un fenotipo celular característico que consiste en inestabilidad genómica, arresto celular en la fase G2 del ciclo celular y un fenotipo proapoptótico. A nivel de organismo, esto se traduce en un fenotipo clínico conocido como Anemia de Fanconi (AF) caracterizado por defectos del desarrollo físico, alteraciones hematológicas y un riesgo incrementado de desarrollar neoplasias. A partir de la revisión de la bibliografía y del análisis de las manifestaciones clínicas de 30 pacientes incluidos en el registro de AF de México, se describen las manifestaciones clínicas que resultan de una vía FA/BRCA alterada. La falla medular es la manifestación más frecuente en los pacientes con AF, seguida de alteraciones del desarrollo físico. Manifestaciones detectables por inspección como pigmentación de la piel anormal o una talla o perímetro cefálico bajos fueron las más frecuentes, más aún que la dupla conformada por malformaciones renales y del eje radial, que se consideran una “señal AF”. El cuadro clínico de los pacientes con AF es reflejo de la inestabilidad genómica subyacente; el exceso de apoptosis resulta en hipoplasia de tejidos con altos índices mitóticos como las poblaciones celulares embrionarias de las que dependerán la masa inicial del individuo o de tejidos como las células troncales hematopoyéticas o estructuras anatómicas específicas como el eje radial.

## CÁNCER Y ANEMIA DE FANCONI: UNA CONSECUENCIA DEL MAL FUNCIONAMIENTO DE LA VÍA FA/BRCA

Fiesco-Roa M.O.<sup>1,2,3</sup>, B. García de Teresa<sup>3</sup>, S. Frías<sup>3,4</sup>, A. Rodríguez<sup>3,4</sup>, M. Ortiz<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México; <sup>2</sup>Maestría y Doctorado en Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México; <sup>3</sup>Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México; <sup>4</sup>Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), México; <sup>5</sup>Nuevo Hospital Civil de Guadalajara "Juan I. Menchaca", Guadalajara, Jalisco, México. E-mail: fiescoroa@facmed.unam.mx

La Anemia de Fanconi (AF) es un síndrome de inestabilidad cromosómica con una elevada predisposición a cáncer. El fenotipo oncológico es resultado de alteraciones en la vía FA/BRCA, la cual está encargada de la reparación libre de error de enlaces covalentes cruzados en el ADN. Alrededor del 20% de los pacientes con AF desarrollan alguna neoplasia a lo largo de su vida. A través de un análisis observacional, ambispectivo y transversal, se describió el fenotipo oncológico de los pacientes con AF descritos en la literatura hasta diciembre de 2022 y de los pacientes del Registro de AF de México. Se colectó información de 615 casos de pacientes con AF con genotipo confirmado (600 casos reportados en la literatura y 15 pacientes del Registro de AF de México). Las neoplasias más frecuentes fueron tumores sólidos (122 pacientes), leucemia mieloide aguda (68 pacientes) y síndrome mielodisplásico (31 pacientes). Estos hallazgos contrastan con la literatura en la que se reporta que la leucemia mieloide aguda representa el 40% de los casos de cáncer en AF. Los resultados pueden evidenciar un sesgo de reporte por sobre-representación de pacientes con variantes patogénicas (VP) en *FANCD1/BRCA2* y *FANCN/PALB2*. Sin embargo, está documentado que los pacientes con VP en estos genes tienen un riesgo aún más elevado de cáncer que otros genotipos; esto se debe a que sus productos están directamente involucrados en el proceso de recombinación homóloga.

---



## **HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA ASISTIR AL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL**

Coordinadora: María Francisca Perera. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT NOA Sur, Las Talitas, Tucumán, Argentina. E-mail: franciscaperera@yahoo.com.ar

---

## **HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA ASISTIR AL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL**

Perera M.F. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT NOA Sur, Las Talitas, Tucumán, Argentina. E-mail: franciscaperera@yahoo.com.ar

Los programas de mejoramiento genético de cultivos buscan obtener variedades de mayor productividad con características agronómicas sobresalientes. Por lo general, cada ciclo de mejora incluye la selección de progenitores a partir de una colección de germoplasma, la hibridación y la evaluación fenotípica de la progenie en sucesivas etapas de selección. Por ello, resulta necesaria la implementación de herramientas moleculares que permitan mejorar la caracterización e incrementar la eficiencia en la selección. En este sentido, los marcadores moleculares resultan esenciales para asistir a la mejora clásica ya que pueden ser aplicados en múltiples etapas del esquema, para acelerarlas o bien para tener una mayor certidumbre en los procesos que rigen en determinadas fases. Entre sus múltiples aplicaciones, los marcadores moleculares pueden ser utilizados en estudios de diversidad genética, en identificación del origen parental, en el análisis del grado de hibridez obtenido en los cruzamientos y en identificación y protección de nuevas variedades. Además, mediante estrategias de mapeo biparental y asociativo es posible detectar marcadores asociados a caracteres de interés agronómico que puedan utilizarse en selección asistida por marcadores. Entre las aplicaciones más recientes, merece destacarse a la selección genómica, en la que todos los marcadores moleculares generados a lo largo del genoma son utilizados en forma simultánea para predecir el valor de mejora de los individuos.

---

## **IMPLEMENTACIÓN DE HERRAMIENTAS BIOTECNOLÓGICAS EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA CAÑA DE AZÚCAR**

Racedo J., S. Chaves, F. Budeguer, R.A. Enrique, A.S. Noguera, M.F. Perera, S. Ostengo. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT CONICET NOA sur, Tucumán, Argentina. E-mail: joracedo@gmail.com

El mejoramiento genético de la caña de azúcar es un proceso laborioso y lento, que toma entre 10 y 15 años de intensas evaluaciones para la obtención de un nuevo cultivar. Diversas herramientas biotecnológicas aplicadas en determinadas etapas del esquema de mejora pueden hacer más eficiente el proceso global, aportando información más precisa a los mejoradores. Además, la transformación genética y la edición génica permiten incorporar nuevas características de interés a los nuevos cultivares desarrollados. El programa de mejoramiento genético de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres ha incorporado exitosamente la utilización de marcadores moleculares para determinar la diversidad genética de su banco de germoplasma, para la identificación de marcadores ligados a características de rendimiento y de resistencia a enfermedades, para la certificación de

pureza genética, y para el diagnóstico molecular de enfermedades. Asimismo, se realizó la transformación genética de variedades comerciales locales para conferir resistencia a estrés biótico mediante biobalística, y actualmente se desarrollan nuevas líneas mediante edición génica. El desarrollo y la incorporación de “nuevas tecnologías de mejoramiento” en un esquema de mejora tradicional es un gran desafío y en este caso han sido implementadas de manera efectiva para el mejoramiento de caña de azúcar.

---

## UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES PARA EL DESARROLLO DE NUEVAS VARIEDADES DE SOJA

Rocha C.M.L., G. Garcia, M.R. Devani, A.P. Castagnaro, E.M. Pardo. Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, ITANOA (EEAOC-CONICET), Las Talitas, Tucumán, Argentina. E-mail: marianopardo@eeaoc.org.ar

La producción de soja en el Noroeste Argentino (NOA) enfrenta factores climáticos adversos enfermedades y plagas. El Programa de Mejoramiento Genético de la Soja (PMGS) de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres desarrolla nuevas variedades de soja adaptadas al NOA de pureza genética garantizada, mayor rendimiento y resistencia a factores bióticos y abióticos. Este proceso dura entre siete y ocho años y está basado en principios genéticos clásicos de selección fenotípica. Sin embargo, puede acelerarse con la implementación de una técnica llamada Selección Asistida por Marcadores Moleculares (SAM). Nuestro objetivo es implementar la SAM en el PMGS de manera rutinaria, en distintas etapas del programa, para hacer más eficiente el desarrollo de nuevas variedades. Dos tipos de marcadores moleculares (MM) se utilizan con este propósito: microsátélites (SSR) y polimorfismos de un nucleótido (SNPs). El desarrollo de una nueva variedad comienza con la selección de parentales, a partir un banco de germoplasma (BG) propio con gran variabilidad genética, para cruzarlos artificialmente. Los híbridos efectivos se avanzan generacionalmente hasta lograr la homocigosis y, posteriormente, las líneas promisorias se evalúan por rendimiento y comportamiento fitosanitario hasta que finalmente se inscriben como nuevas variedades. Todas estas etapas se evalúan con SSR y SNPs garantizando la diversidad genética, la obtención efectiva de híbridos, la incorporación o introgresión de genes de interés asociados con MM y la pureza genética de las líneas que se inscribirán.

---

## APLICACIÓN DE MODELOS DE SELECCIÓN GENÓMICA EN LOS CULTIVOS DE CAÑA DE AZÚCAR Y MAÍZ

Rossi E.A.<sup>1,2</sup>, M. Ruiz<sup>1,2</sup>, N.C. Bonamico<sup>1,2</sup>, M. Aybar Guched<sup>3</sup>, A.N. Peña Malavera<sup>3</sup>, M.F. Perera<sup>3</sup>, A.S. Noguera<sup>3</sup>, J. Racado<sup>3</sup>, S. Ostengo<sup>3</sup>, M.G. Balzarini<sup>4,5</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Tucumán, Argentina; <sup>4</sup>Estadística y Biometría, Facultad de Cs. Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; <sup>5</sup>Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET-INTA), Córdoba, Argentina. E-mail: erossi@ayv.unrc.edu.ar

La selección genómica (SG) es una herramienta con potencialidad de incorporar información genómica en decisiones de mejora genética. Con la SG se determina el potencial genético (*Genomic Estimated Breeding Value*, GEBV) de un individuo adicionando los efectos de todos los marcadores en un modelo estadístico. Debido a la alta dimensionalidad de la información molecular en la construcción del modelo de SG, se usan distintas estrategias para abordar la multidimensionalidad y la multicolinealidad entre marcadores. Una de estas estrategias consiste

en realizar previamente una selección de los marcadores moleculares a incluir en el modelo. Con el objetivo de evaluar el impacto de la selección de marcadores en la precisión de modelos de selección genómica se utilizaron datos del rendimiento de azúcar y otros caracteres del programa de mejoramiento genético de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres para el cultivo de caña de azúcar y de líneas de maíz evaluadas por su resistencia a la enfermedad Mal de Río Cuarto en el Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC). La selección de marcadores se realizó mediante estudios de mapeos por asociación. Luego, se compararon diferentes modelos de selección genómica utilizando, por un lado, todos los marcadores disponibles y por otro, solo los marcadores seleccionados mediante los estudios de mapeo por asociación. Si bien la eficiencia de la SG depende principalmente del carácter en estudio, la selección de marcadores permitió aumentar la precisión de la SG para algunos de los caracteres evaluados.

---

## **EL DESAFÍO DE INVOLUCRARNOS EN ASPECTOS ÉTICOS DE LA GENÉTICA**

Coordinadora: Graciela Moya. Laboratorio GENOS, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Bioética, Facultad de Ciencias Médicas, Pontificia Universidad Católica Argentina, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Bioética, Universidad Católica Santo Toribio de Mogrovejo USAT, Perú. E-mail: [gracielamoya@uca.edu.ar](mailto:gracielamoya@uca.edu.ar); [moya@genos.com.ar](mailto:moya@genos.com.ar)

La bioética es una filosofía aplicada al estudio de las dimensiones morales de las ciencias de la vida y de la atención de la salud. Es una ciencia transdisciplinaria porque investiga estas dimensiones morales en forma sistemática con un método argumental que incluye variadas disciplinas como la filosofía, las ciencias de salud y de la vida, el derecho, la psicología, la sociología, la teología, la ecología, entre otras. Esta metodología de análisis queda claramente plasmada en el simposio de hoy, en el que intentaremos reconocer cómo nos desafían los avances biotecnológicos en el campo de la genética. Comenzando con el análisis del uso compartido de datos genómicos y sus implicancias éticas, legales, sociales; luego se considerará el impacto de la genómica en la elaboración de políticas públicas que protejan el acceso a los genéticos preventivos en la rama de la oncología; y finalmente el análisis preventivo de la introducción de nuevas tecnologías que pueden afectar el genoma humano como Patrimonio de la Humanidad. La bioética intenta promover el análisis científico dentro de un marco que respete la dignidad inherente de las personas, sus derechos y su bienestar.

---

## **ASPECTOS ÉTICOS DEL INTERCAMBIO DE DATOS EN GENÓMICA CLÍNICA**

Moya G. Laboratorio GENOS, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Bioética, Facultad de Ciencias Médicas, Pontificia Universidad Católica Argentina, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Bioética, Universidad Católica Santo Toribio de Mogrovejo USAT, Perú. E-mail: [gracielamoya@uca.edu.ar](mailto:gracielamoya@uca.edu.ar); [moya@genos.com.ar](mailto:moya@genos.com.ar)

El proyecto genoma humano facilitó el desarrollo de dos campos innovadores en la investigación científica. Por un lado, el abordaje de las potenciales implicancias éticas, legales y sociales desde el inicio del proyecto (programa ELSI, siglas en inglés), con una perspectiva preventiva. Por otro, el rápido intercambio de datos de investigación en forma colaborativa, preliminar y acelerada. En este trabajo se analizarán los principios científicos y éticos que sustentan el intercambio de datos genómicos; los desafíos científico-técnicos, ético-sociales, y regulatorios que genera el intercambio de datos genómicos, centrándose la necesidad de desarrollar bases de datos genómicos y en el uso secundario de datos; la implementación de iniciativas internacionales que orienten las diferentes estrategias que permiten recopilar, almacenar, transferir, acceder y analizar datos moleculares y otros relacionados con la salud; y las recomendaciones actuales que promueven la disminución de los riesgos para los participantes, los investigadores y los comités de ética de investigación. Se parte de la premisa de que el uso ético de datos masivos es un recurso innovador para garantizar que el proceso y los resultados de la investigación en genómica tengan como finalidad la protección del bienestar, los derechos y el beneficio de los pacientes y de la sociedad en general.

---

## **APLICACIÓN DE PRINCIPIOS BIOÉTICOS EN EL ASESORAMIENTO GENÉTICO ONCOLÓGICO Y EN LA COBERTURA DE ESTUDIOS MOLECULARES**

Vargas Roig L.M. Instituto de Medicina y Biología Experimental de Cuyo (IMBECU), CONICET, Mendoza, Argentina; Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo; Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Mendoza, Mendoza, Argentina; Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: [vargasl@mendoza-conicet.gob.ar](mailto:vargasl@mendoza-conicet.gob.ar)

El Asesoramiento Genético Oncológico es un proceso que ayuda a individuos y familias a comprender y adaptarse a las implicancias médicas, psicológicas y sociales de las enfermedades oncológicas. Este asesoramiento debe brindar información precisa, completa y objetiva, estableciendo una relación empática con un alto grado de comprensión y comunicación que ayude a los individuos a trabajar en la toma de sus propias decisiones. Los principios bioéticos de libertad y responsabilidad, no maleficencia y beneficencia deben ser respetados en el Asesoramiento Genético Oncológico y verse reflejados en la firma del consentimiento informado. Por otra parte, la cobertura de los estudios moleculares, para definir el diagnóstico de cáncer hereditario y tomar medidas de reducción de riesgo, es un tema de salud pública donde deben primar principios bioéticos como el de justicia. Es importante mencionar sobre este aspecto, la sanción de la Ley provincial 9.055 en el año 2018, que permite realizar prevención primaria y secundaria de enfermedades tumorales malignas en la provincia de Mendoza.

---

## ¿PROTEGER AL GENOMA HUMANO?

Valera L. Centro de Bioética, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile, Chile; Departamento de Filosofía, Universidad de Valladolid, Plaza del Campus Universitario s/n, Valladolid, España. E-mail: luvalera@uc.cl; luca.valera@uva.es

Los avances recientes en la modificación genética, en la investigación biomédica en el ámbito de la edición del genoma humano y en sus aplicaciones clínicas, han implicado una mayor atención a la regulación legal y a la reflexión ética con respecto a la protección del genoma humano. A nivel internacional, distintos organismos, grupos de investigadores y países, han expresado su preocupación con referencia a los temas arriba mencionados. Entre ellos, Chile –en concreto la Comisión del Senado “Desafíos del Futuro”– ha empezado a tramitar un proyecto de ley que modifica la ley N° 20.120, sobre la investigación científica en el ser humano, su genoma y prohíbe la clonación humana, con el objeto de regular la edición del genoma humano y tipificar los delitos que indica (Boletín N° 15.076-11). En el presente trabajo, se destacan algunos elementos importantes y críticos de este proyecto de ley, tanto a nivel ético como legal, que tienen un impacto con referencia a la reflexión internacional sobre el tema. Además, se revisarán los principales documentos y normativas internacionales, haciendo hincapié en la propuesta de declarar al genoma humano como Patrimonio de la Humanidad (UNESCO).

---

## ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA EN GENÉTICA

Coordinadora: Alejandra Mampel. UNCuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: mampelalejandra@gmail.com

La enseñanza de la genética es un continuo desafío sea cualquiera el lugar donde se realice. Las herramientas utilizadas para un aprendizaje significativo pueden variar según sean los temas, los objetivos propuestos, el grupo donde se aplicará y las condiciones disponibles. Podemos enseñar genética en un campo sembrado, con animales y también en un hospital. A pesar de variar los escenarios sabemos que existen conceptos transversales a todos ellos y esa idea inspiró este simposio en donde expertos de cada una de las áreas troncales de la genética nos muestran estrategias de enseñanza que permiten acercar de una manera creativa y atractiva, los conceptos fundamentales al estudiante.

---

## ESTUDIO DE CASOS: ESTRATEGIA PARA LA ENSEÑANZA DE LA MEDICINA

Ávila S. Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Neuquén, Argentina. E-mail: silvia347@gmail.com

La enseñanza de la Genética en las Carreras de Medicina marca la necesidad de integrar contenidos de Ciencias Básicas en un ámbito eminentemente práctico, más aun considerando el perfil de médico orientado a la Atención Primaria. La enseñanza basada en casos constituye una herramienta fundamental para lograr esta integración. Es una estrategia que favorece el trabajo cooperativo y el desarrollo de competencias de comunicación que son esenciales para el ejercicio de la Medicina. Enseñar con casos no es presentarlos como ejemplo en una clase expositiva. Son instrumentos educativos complejos que revisten la forma de narrativas. Un caso incluye información y datos: psicológicos, sociológicos, científicos, antropológicos, históricos y de observación, además de material técnico. Se construyen en torno de problemas o de «grandes ideas»: puntos importantes de una asignatura que merecen un examen a fondo. Los problemas deben ser de la vida real con personas reales. Deben acompañarse de preguntas que orienten a la reflexión grupal, de actividades de seguimiento, de discusión informada y la formulación de conclusiones que den cuenta del análisis del caso y de sus posibles resoluciones. Presentamos los casos de una familia y los resultados de la pesquisa neonatal y otro vinculado con aspectos epidemiológicos de demencias rápidamente progresivas.

---

## DERIVA GENÉTICA EN POBLACIONES VEGETALES: MICROEVOLUCIÓN AZAROSA – ENSEÑANZA CERTERA

Echeverría M.M.<sup>1</sup>, M.V. García<sup>2,3,4</sup>, S.M. Pistorale<sup>5,6</sup>, E.F. Tocho<sup>7</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas (UNaM – CONICET), Misiones, Argentina; <sup>4</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; <sup>5</sup>Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina; <sup>6</sup>Departamento de Ciencias Básicas y Experimentales, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Pergamino, Buenos Aires, Argentina; <sup>7</sup>Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mecheverria@mdp.edu.ar; vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar; susanapistorale@gmail.com; etocho@agro.unlp.edu.ar

Al enseñar Genética de Poblaciones se repite que el equilibrio Hardy Weinberg (EHW) enuncia que las frecuencias

alélicas se mantienen constantes a través de las generaciones sin resaltar la relevancia biológica que su enunciado denota. En Genética de Poblaciones es crucial extrapolar la 1ra ley de Mendel al nivel de poblaciones y enunciar el EHW de manera de establecer que las frecuencias genotípicas de la progenie quedan definidas por las frecuencias alélicas de los padres y que éstas se mantendrán constantes de generación en generación si se cumplen los supuestos de EHW. Así, se incorpora la idea del análisis de la diversidad genética mediante el cambio en sus frecuencias alélicas que es resultado de la acción de los procesos microevolutivos, entre ellos la deriva genética. El entender la acción azarosa de este proceso sobre la diversidad genética poblacional es relevante en el marco de la teoría neutral de la evolución molecular que subyace a los estudios poblacionales, basados en el empleo de marcadores moleculares generados en regiones no codificantes del genoma. El estudio de este proceso es importante tanto en poblaciones vegetales naturales como en poblaciones mejoradas. Un aprendizaje lúdico permite la comprensión y el análisis del EHW. Para ello, se presenta una estrategia de enseñanza del cambio al azar de las frecuencias alélicas empleando confites de colores que permitirá una participación activa de los estudiantes, quienes, por azar, irán reduciendo el tamaño poblacional y analizando el cambio consecuente en las frecuencias alélicas poblacionales.

## **EQUILIBRIO DE HARDY-WEINBERG: COLOR DE CAPA EN EL GANADO SHORTHORN, UN EJEMPLO QUE VIENE AL PELO**

Padula G.<sup>1,2</sup>, A. Seoane<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), Ing. Fernando Noel Dulout, Facultad de Ciencias Veterinarias (CONICET-UNLP), La Plata, Argentina; <sup>2</sup>Antropología Biológica III, Facultad de Ciencias Naturales y Museo (UNLP), La Plata, Argentina; <sup>3</sup>Genética de Poblaciones y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias (UNLP), La Plata, Argentina. E-mail: giselpadula@conicet.gov.ar; aseoane@fcv.unlp.edu.ar

La genética de poblaciones estudia la variación genética y los cambios en la composición que resultan de la intervención de factores evolutivos. El primer paso para describir genéticamente una población es estimar las frecuencias fenotípicas, alélicas y genotípicas. Para predecir la composición genética de un locus en la siguiente generación se utilizan modelos matemáticos que permitan realizar estimaciones. La ley del equilibrio o Ley de Hardy-Weinberg establece que la composición genética de una población infinitamente grande con apareamiento al azar, no alterada por selección, migración, mutación o deriva génica, permanecerá invariable en el tiempo. Según el modelo matemático que surge de esta ley las frecuencias de los tres genotipos (homocigota dominante y recesivo y heterocigota) estarán dados por el desarrollo del binomio  $(p+q)^2=p^2+2pq+q^2=1$ . Para acercar a los estudiantes el concepto de frecuencias alélicas y genotípicas se utiliza primero la teoría de conjuntos, empleando representaciones gráficas de las poblaciones, los individuos y los alelos, calculando las frecuencias de manera intuitiva y visual. Luego se aplican diferentes fórmulas a partir de un ejemplo en una población de ganado Shorthorn, en la cual el color de capa está determinado por un gen autosómico codominante. Este mismo ejemplo se utiliza para calcular el equilibrio del locus en esta población hipotética. Los términos “frecuencias” y “equilibrio” son conceptos abstractos; la labor del docente debe centrarse en lograr no sólo su aprendizaje sino también su comprensión, dada la importancia de los mismos.

## **ENFERMEDAD DE DUCHENNE DESDE LA CLÍNICA A LO MOLECULAR. LA IMPORTANCIA DEL DIAGNÓSTICO TEMPRANO**

Coordinadora: Alejandra Mampel. Instituto de Genética, Hospital Universitario, UNCuyo, Mendoza, Argentina.

E-mail: mampelalejandra@gmail.com

Existe más de un centenar de tipos de distrofias musculares. Sin embargo, entre las de mayor frecuencia en la práctica clínica se encuentra la enfermedad de Duchenne/Becker. Esta es una enfermedad crónica, progresiva e invalidante. En este simposio se abordarán de los aspectos clínicos y moleculares más relevantes que permiten realizar el diagnóstico de certeza y desde el cual se proponen tratamientos y seguimientos ajustados al paciente, así como la aplicación de estrategias terapéuticas específicas. Desde la descripción de los signos y síntomas de la enfermedad realizados por el neurólogo francés Guillaume Duchenne en 1861, hasta la posibilidad de realizar diagnóstico de certeza en pacientes y portadoras en la actualidad, se han logrado avances que han modificado significativamente. Además, el diagnóstico molecular y la aplicación de terapias dirigidas en estos pacientes, impacta sobre la posibilidad de mejorar su calidad de vida llevando a requerir una revisión y actualización constante.

---

## **ASPECTOS CLÍNICOS EN LA HISTORIA NATURAL DE LA DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE**

Montes C.C. División Genética Médica, Hospital de Niños de la Santísima Trinidad de Córdoba, Córdoba,

Argentina; Genética Médica, Instituto Universitario de Ciencias Biomédicas de Córdoba, Córdoba, Argentina.

E-mail: montesceciliadelcarmen@gmail.com

La distrofia muscular de Duchenne (DMD) es una enfermedad hereditaria recesiva ligada al X, originada por mutaciones en el gen *DMD*, cuyo producto proteico es la distrofina; esta es una proteína sub-sarcolémica que sirve de anclaje entre el citoesqueleto y la membrana citoplasmática, se expresa principalmente en músculo estriado y en otros tejidos como el cerebro; es fundamental para dar estabilidad estructural a la fibra muscular. DMD es la distrofia muscular más frecuente y severa en la edad pediátrica y tiene una frecuencia de 1 en 3.500 a 5.000 varones. Existe una variabilidad clínica marcada por la historia natural de la enfermedad; describiéndose las siguientes fases: presintomática, de 0 a 2 años; ambulante inicial, de 2 a 3 años; ambulante tardía, de 5 a 12 años; no ambulante inicial, de 12 a 16 años; para finalizar en una etapa no ambulante tardía luego de los 20 años. El abordaje multidisciplinar de estos pacientes y el uso de corticoides, independientemente del mecanismo mutacional, iniciados a edades tempranas, ha cambiado la historia natural de la enfermedad, prolongando la marcha hasta los 14-16 años y previniendo la aparición de la escoliosis. En los últimos años DMD ha sido pionera en ensayos clínicos, lográndose grandes progresos terapéuticos para tratar de modificar o bloquear diferentes consecuencias de la enfermedad. En este simposio se conversarán los aspectos clínicos, no solo musculares sino también sistémicos, correlación genotipo fenotipo, lionización del cromosoma X, asesoramiento genético, tratamientos y abordaje multidisciplinar de esta enfermedad.



## LA IMPORTANCIA DEL DIAGNÓSTICO MOLECULAR PARA EL ABORDAJE DE LA DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE

Giliberto F. Laboratorio de Distrofinopatías, Cátedra de Genética, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, Buenos Aires, Argentina; Instituto de Inmunología, Genética y Metabolismo (INIGEM), CONICET-UBA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: gilibertoflor@gmail.com

Duchenne es una distrofia muscular severa de las más frecuentes en la infancia (1:3.500), producida por alteraciones en el gen *DMD*. Es de herencia recesiva ligada al cromosoma X, siendo los principales afectados varones, aunque algunas mujeres la padecen también. Está caracterizada por debilidad muscular progresiva que lleva a la pérdida gradual de las funciones motoras generando una severa discapacidad. El diagnóstico temprano es fundamental para accionar precozmente ya que, gracias a eso, se implementan los cuidados específicos para estos niños. Su diagnóstico no es sencillo desde la clínica ya que posee una sintomatología común con otras distrofias musculares. Por lo tanto, el abordaje molecular es fundamental para alcanzar el diagnóstico diferencial y determinar el accionar médico. Para eso elaboramos un algoritmo diagnóstico basado en las guías de recomendaciones internacionales para Duchenne, aplicando estudios de MLPA, NGS (paneles *in silico*), PCR-Sanger, ARNm y herramientas bioinformáticas. Llevamos analizadas más de 2.500 muestras de personas afectadas por esta severa enfermedad, unos 500 MLPAs y 200 Exomas. Resumiré nuestra experiencia en el tema para sumergirlos en el gen *DMD*, y enseñar algunos desafíos a los que nos enfrentamos a la hora de analizarlo. Se mostrarán casos para ilustrar las estrategias diagnósticas y los razonamientos que las acompañan. Enfatizaremos el porqué de la importancia de compartir públicamente las variantes halladas en nuestros estudios. Finalmente, abordaremos las estrategias terapéuticas gen-mutación dependiente que se están llevando adelante para Duchenne.

---

## ACTUALIZACIÓN DIAGNÓSTICO PRENATAL

Coordinadora: Silvia Avila. Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Cipolletti, Río Negro, Argentina. E-mail: silvia347@gmail.com

---

### DESAFÍOS ACTUALES DEL ASESORAMIENTO GENÉTICO PRENATAL

Avila S.<sup>1</sup>. Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Cipolletti, Río Negro, Argentina. E-mail: silvia347@gmail.com

Las pruebas preimplantatorias y prenatales para anomalías cromosómicas están diseñadas para proporcionar una evaluación del riesgo de un paciente de llevar un feto con un trastorno cromosómico. Se encuentra disponible una amplia variedad de pruebas de detección y diagnóstico prenatales; cada una ofrece diferentes niveles de información y rendimiento, y cada una tiene ventajas y limitaciones relativas. Cada prueba tiene una indicación que puede ser el tamizaje sin ningún factor de riesgo, o la detección cuando una prueba inicial, como por ejemplo el *screening* combinado del primer trimestre, arrojó un valor de riesgo moderado, o cuando se detectaron anomalías ecográficas o existe ya una situación de riesgo a priori. Varios países establecen normativas de cobertura de los estudios, elaboran recomendaciones y realizan campañas de información para su población. Cada caso debe analizarse de modo personal. Esto permite la toma de decisiones complejas por parte de la paciente teniendo en cuenta los recursos de atención médica accesibles, los valores, los intereses y las metas. A todas las pacientes se les debe ofrecer pruebas de detección y de diagnóstico, y todas las pacientes tienen derecho a aceptar o rechazar las pruebas después del asesoramiento. Este asesoramiento genético no es sencillo ya que involucra entender parámetros estadísticos y conceptos de riesgo en el marco de una situación personal compleja como es el tránsito de un embarazo en una condición social y personal determinada, con un contexto personal y familiar que es único.

---

### DIAGNÓSTICO PRENATAL CITOGÉNICO

Juchniuk M.S. Centro Materno Infantil, Hospital Zonal Trelew, Trelew, Chubut, Argentina. Email: ivijuchniuk@hotmail.com

El diagnóstico prenatal comprende a todas las acciones diagnósticas prenatales que tienen por objeto identificar intraútero defectos congénitos, los cuales presentan una incidencia de 2,5 al 5% en recién nacidos vivos. Estas acciones diagnósticas pueden ser invasivas y no invasivas. Dentro de las acciones invasivas se encuentran la biopsia de vellosidades coriónicas y la amniocentesis que permiten la obtención del cariotipo fetal. El cariotipo constitucional de un individuo es determinado en la concepción. Las mitosis sucesivas darán lugar a copias de este complemento cromosómico en todas las células, que posteriormente originarán los distintos tejidos. Estos incluyen tanto al tejido fetal propiamente dicho como a los tejidos extraembrionarios. El cariotipo fetal puede obtenerse a partir de vellosidades coriónicas (biopsia) o líquido amniótico (amniocentesis) y su análisis permite identificar mediante técnicas de citogenética clásica la constitución cromosómica del feto que permitirá obtener información precisa para un correcto asesoramiento genético. El objetivo principal de la disertación es introducir conceptos básicos del diagnóstico prenatal citogenético con técnicas clásicas, sus ventajas, limitaciones y posibles resultados.

---

## **HIBRIDACIÓN *IN SITU* CON FLUORESCENCIA (FISH) EN DIAGNÓSTICO PRENATAL: UN MÉTODO RÁPIDO Y EFICAZ**

Martinez Taibo C. Laboratorio de Citogenética, Hospital Dr. Arturo Oñativia, Salta, Argentina; Laboratorio de Genética Humana, Instituto Médico de Alta Complejidad (IMAC), Salta, Argentina. E-mail: cmartineztaiibo@yahoo.com.ar

La utilización de la técnica de Hibridación *In Situ* con Fluorescencia (FISH) aplicada al diagnóstico prenatal citogenético en embarazos de alto riesgo es una vía rápida para establecer un nexo entre los genes y los cromosomas sin necesidad de realizar cultivos celulares. Presenta múltiples beneficios, por lo que aun con las técnicas de mayor complejidad hoy disponibles, se sigue empleando. Permite la detección de anomalías cromosómicas en células en interfase, lo que fue un avance importante en el diagnóstico prenatal. Posibilita realizar el diagnóstico citogenético en cualquier fase del ciclo celular y en múltiples tejidos. Detecta las aneuploidías más frecuentes (13, 18, 21, X y Y) y además síndromes por microdeleciones y microduplicaciones (aberraciones crípticas) no diagnosticadas por métodos convencionales. Detecta desbalances cromosómicos producto de reordenamientos cromosómicos equilibrados en los padres. Permite caracterizar dicéntricos, isocromosomas, cromosomas en anillo y marcadores. Reduce el periodo de espera del resultado del análisis citogenético convencional luego de la obtención de la muestra, el que puede conducir a un elevado grado de ansiedad en los pacientes. Abreviar ese lapso, generalmente de 7 a 20 días, es de gran beneficio tanto para la paciente como para el médico. El resultado puede ser obtenido en 24 a 48 horas. Actualmente, además se emplea para confirmar un resultado detectado por técnicas de diagnóstico prenatal no invasivas. La técnica de FISH es complementaria a la citogenética clásica, debiéndose corroborar los resultados cuando sea posible.

---

## **ESTUDIOS GENÉTICOS PREIMPLANTATORIOS (PGT): PASADO, PRESENTE Y FUTURO**

Fernández C. Novagen y CEGyR, CABA, Argentina. E-mail: cecilia.fernandez@novagen.com.ar

El estudio preimplantatorio (PGT) se realiza dentro de un tratamiento de reproducción asistida, requiere de la biopsia de unas pocas células de embriones fertilizados *in vitro* y tiene como objetivo seleccionar a los embriones no afectados para su transferencia al útero. Se puede realizar para la detección de aneuploidías (PGT-A), reordenamientos cromosómicos estructurales (PGT-SR) o defectos de un solo gen (PGT-M). Aunque los estudios genéticos en pocas células son un desafío, el PGT ha evolucionado a partir de un procedimiento experimental en la década de 1990, a una alternativa para el diagnóstico prenatal invasivo. Las mejoras técnicas y el aumento de la resolución y la sensibilidad permiten la identificación del mosaicismo cromosómico así como la detección de anomalías subcromosómicas, como deleciones y duplicaciones segmentarias. Actualmente, se han desarrollado técnicas no invasivas (miPGT-A y niPGT), que fueron posibles luego del descubrimiento de ADN libre en el líquido del blastocelo y en el medio del cultivo embrionario. Por otra parte, la capacidad de contar con información de todo el genoma a partir de las biopsias, ha ampliado el alcance del PGT al llamado PGT-P, que clasifica los embriones en función de su susceptibilidad genética o riesgo poligénico a una variedad de enfermedades complejas. Las metodologías empleadas están en constante evolución, habiendo pasado por varios cambios desde su inicio, incluso en nombre de PGS y PGD, a PGT, y se han incorporado y aprovechado los nuevos desarrollos técnicos, metodológicos y bioinformáticos.

## **DETECCIÓN DE ANEUPLOIDÍAS DE CROMOSOMAS 21, 18 Y 13 POR ADN LIBRE DE CÉLULAS (CFADN). UN DESAFÍO PARA EL ASESORAMIENTO GENÉTICO**

Avila S. Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue, Cipolletti, Río Negro, Argentina.

E-mail: silvia347@gmail.com

La prueba prenatal no invasiva (NIPT) constituye el método de tamizaje más preciso para la estimación de riesgo de aneuploidías de los cromosomas 21, 13 y 18. Analiza pequeños fragmentos de ADN (cfADN) que se desprenden de células apoptóticas de la placenta hacia la sangre materna. Requiere de una fracción fetal igual o mayor al 4% y es una prueba de detección, por lo que los resultados pueden involucrar la necesidad de pruebas de confirmación. NIPT es una herramienta importante para la detección prenatal y fue recomendada por la Sociedad Internacional para el Diagnóstico Prenatal (ISPD) y el Colegio Americano de Obstetras y Ginecólogos (ACOG) desde 2012 como una prueba para embarazadas con alto riesgo de aneuploidía cromosómica. En el meta-análisis más citado (Gilbert, 2017) la tasa de detección y de falsos positivos para T21 fue del 99,7% y 0,04%, para T18 de 97,9% y 0,04%, y para T13 de 99% y 0,04%. Cada laboratorio provee sus propios valores. Se dispone de un calculador de riesgo para obtener en cada caso el Valor Predictivo Positivo y el Valor Predictivo Negativo de la Sociedad de Consejeros Genéticos de EE.UU. (<https://www.perinatalquality.org/vendors/nsgc/nipt/>). La prueba NIPT constituye un desafío para el asesoramiento genético habida cuenta especialmente de las dificultades en la comprensión general del concepto de riesgo y los parámetros estadísticos involucrados.

---

## PRESENTE Y FUTURO DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEBADA EN ARGENTINA

Coordinadores: Bossio A.E.<sup>1</sup>, G.A. González<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA – INTA, Hurlingham, Argentina; <sup>2</sup>EEA INTA Bordenave, Púan, Argentina. E-mail: bossio.ezequiel@inta.gob.ar; gonzalez.ga@inta.gob.ar

Diez mil años después de que comenzara su domesticación, la cebada es el cuarto cereal más cultivado después del trigo, el maíz y el arroz, plantándose en una amplia variedad de entornos en diversas partes del mundo. Los cultivares de cebada sembrados en nuestro país se separan en pastoriles y graníferos. Asimismo, los graníferos pueden dividirse en cerveceros (para malteado en producción de bebidas alcohólicas) y en forrajeros (grano forrajero para alimentación de animales de producción). Particularmente durante la última década, la producción de cebada en nuestro país registra un consistente incremento, asociado tanto al aumento de la superficie sembrada, como al incremento en la productividad, motivando a la permanente actualización de los cultivares. En Argentina, el mejoramiento genético de este cultivo está orientado a generar variedades de alta productividad, alta calidad y buen comportamiento sanitario, siendo fundamental para poder abordar estos objetivos, comprender los procesos que determinan el desarrollo, el crecimiento y el rendimiento. Actualmente, las capacidades para el mejoramiento genético y agronómico están presentes tanto en el sector público (academia e institutos de investigación) como en el sector privado, con fuerte articulación entre ambas. El objetivo de este simposio es conocer la actualidad del mejoramiento genético y agronómico de la cebada en Argentina, considerando para ello los distintos abordajes que se están realizando desde el sector universitario, así como desde los programas de mejoramiento público y privado en nuestro país.

### CEBADA CERVECERA: ¿QUÉ CARACTERES FISIOLÓGICOS FUERON MODIFICADOS POR EL MEJORAMIENTO EN LOS ÚLTIMOS 40 AÑOS EN ARGENTINA?

Miralles D.J.<sup>1,2,3</sup>, V. Giménez<sup>1,2</sup>, N. Ciancio<sup>1,2</sup>, L.G. Abeledo<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Universidad de Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>CONICET, Argentina; <sup>3</sup>IFEVA, CABA Argentina. E-mail: miralles@agro.uba.ar

La cebada es el cuarto cereal más importante del mundo con el 7% del área cultivada con cereales. En Argentina, la cebada se utiliza principalmente para la maltería siendo el proveedor más importante para Sudamérica. Debido a que no hay estudios del progreso genético del cultivo en los últimos 40 años, los objetivos de este trabajo fueron: i) determinar la mejora genética sobre el rendimiento potencial del cultivo e ii) identificar los atributos fisiológicos asociados al rendimiento de cebada cervecera en Argentina bajo condiciones no restrictivas. Se realizaron experimentos de campo en FAUBA durante los años 2020 y 2021. Se analizaron once cultivares representativos, liberados en el mercado argentino desde 1982 hasta 2019, sembrados en parcelas a campo (6,125 m<sup>2</sup> a una densidad de 270 pl m<sup>-2</sup>) con cuatro repeticiones. Los resultados mostraron que la duración del ciclo desde emergencia hasta madurez fisiológica, medida en tiempo térmico, se incrementó (3 °Cd año<sup>-1</sup>;  $p < 0,05$ ), no afectándose el período de llenado de granos. El rendimiento aumentó a razón de 69 kg ha<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup> (de 6 a 9 Tn ha<sup>-1</sup>) debido a un aumento en el número de granos por unidad de área (77 granos m<sup>-2</sup> año<sup>-1</sup>) así como en promedio peso de grano (0,22 mg año<sup>-1</sup>). La misma tendencia se observó en el índice de cosecha que se incrementó de 0,4 a 0,5. En resumen, los mejoradores aumentaron el rendimiento durante los últimos 40 años debido a los aumentos en número y peso de grano. Con respecto a los componentes fisiológicos del rendimiento, las ganancias de rendimiento se asociaron principalmente con el índice de cosecha

## DESARROLLO DE CULTIVARES DE CEBADA PARA DIFERENTES USOS Y REGIONES EN ARGENTINA

Giménez F.J., A. González, V. Conti, G.A. González. Grupo de Mejoramiento y Calidad Vegetal, EEA INTA Bordenave, Púan, Buenos Aires, Argentina. E-mail: gimenez.fernando@inta.gob.ar

En Argentina, en la campaña 2021/22 se sembraron 1,63 M ha de cebada, cosechándose 1,33 M y una producción de granos de 5,3 M de Tn. Se estima que 300.000 ha son destinadas a pastoreo y ensilajes. La continua generación de variabilidad y selección de genotipos permite la acumulación de genes que expresan características favorables de productividad, adaptabilidad y buen comportamiento frente a diversos estreses. Desde los programas de mejoramiento las cebadas graníferas se seleccionan a partir de germoplasma con aptitud cervecera, donde además se busca estabilidad en el tamaño de los granos y calidad industrial. Por otro lado, el desarrollo de germoplasmas con aptitud forrajera ha permitido la liberación de cultivares cada vez más productivos, estables y resistentes a enfermedades y plagas, como el pulgón verde *S. gramineanum*, lo que evita pérdidas de plantas y el uso de insecticida. El ensilado de planta entera permite generar reservas de forraje conservando la calidad nutricional; la cebada es uno de los mejores cereales de invierno para esta tecnología, esto se refleja en los niveles de adopción de cultivares liberados para tal fin. Además, se ha encontrado variabilidad genética en la digestibilidad de la biomasa ensilada, lo que permitió seleccionar genotipos de alta productividad y sanidad con mejores niveles de digestibilidad que los cultivares tradicionales. En conclusión, la cebada es un cereal con amplia versatilidad de usos y cada uno es abordado, desde los programas de mejoramiento, logrando variedades con características específicas para cada requerimiento.

## ROL DE LA INDUSTRIA MALTERA EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEBADA EN ARGENTINA

Scanlan J.B. Boortmalt Argentina S.A.U., CABA, Argentina. E-mail: john.scanlan@boortmalt.com

La industria maltera y cervecera juega un rol central en el mejoramiento genético en nuestro país. Durante muchos años la industria local fue el único impulsor del desarrollo genético de cebada, principalmente mediante sus cruzamientos realizados en el país. Hoy la industria ha dejado de realizar cruzamientos en el país, pero sí dirige cruzamientos realizados en el exterior. También adapta de manera exitosa germoplasma extranjero, principalmente de Alemania, Francia e Inglaterra y, a su vez, testea y acompaña el trabajo realizado por el INTA. Las principales empresas semilleras globales de cebada poseen programas de testeo de materiales en Argentina y los licencian a las malteras y cerveceras locales luego de que éstas los hayan evaluado, tanto en sus aptitudes agronómicas como de calidad industrial. La cebada en el país tiene un abrumador porcentaje de genética cervecera en cuanto a área sembrada, y un muy pequeño porcentaje de genética forrajera. Esto le ha permitido que el grano cosechado, incluso con calidad forrajera, haya tenido un sobreprecio en el mercado internacional de granos, ya que es ampliamente reconocida su calidad industrial general, siendo valorada por malteros a un precio intermedio entre la cebada forrajera y la cervecera. El desafío permanente es lograr mejores adaptaciones, con mayor presencia de cruzamientos específicamente dirigidos a nuestro país, que poseen mejores resultados que las adaptaciones directas, con el objetivo de tener un cultivo agronómicamente competitivo frente al trigo, que cuenta con mayores recursos invertidos en mejoramiento.

## DIVERSIDAD GENÉTICA Y CONSERVACIÓN DE LA FLORA DEL DOMINIO CHAQUEÑO

Coordinadora: Viviana Solís Neffa. IBONE (UNNE-CONICET) - FACENA (UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: vsolneff@gmail.com; viviana.solis@comunidad.unne.edu.ar

El Neotrópico es la región más biodiversa del mundo. Comprende extensas selvas tropicales, pero también otras ecorregiones y tipos de hábitats ricos en especies, como los bosques, las sabanas y los pastizales. Los patrones de biodiversidad de la flora neotropical resultarían, en parte, de la influencia ejercida por los cambios climático-ambientales históricos. En la actualidad, la fragmentación de los hábitats, el avance de la frontera agrícola y el cambio en el uso del suelo provocan la degradación y desaparición de miles de hectáreas de bosque nativo y de pastizales naturales. Además, las áreas protegidas actualmente corresponden a un porcentaje muy por debajo de los sugeridos, siendo necesario fortalecer significativamente el sistema. En este simposio, se sintetizan los resultados de las investigaciones acerca de la biología evolutiva y del efecto de los cambios climático-ambientales históricos en los patrones actuales de diversidad genética llevados a cabo en especies relevantes de los bosques y pastizales naturales de los Dominios Chaqueño y Amazónico. Además, se evalúa la posible pérdida de diversidad genética de algunas especies debida al cambio climático y disturbios antropogénicos. Finalmente, se exploran algunas perspectivas para emplear los datos de genética de poblaciones en los esfuerzos de conservación y uso sustentable de la flora regional.

## WHAT WE KNOW ABOUT PLANT MICROEVOLUTION IN CAMPOS SULINOS GRASSLANDS: A PERSPECTIVE FOR CONSERVATION

Segatto A.L.A.<sup>1</sup>, I.V. Quintana<sup>2</sup>, C. Turchetto<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Bioquímica e Biología Molecular, Centro de Ciências Naturais e Exatas, Universidade Federal de Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brazil; <sup>2</sup>Pos graduate program of Botany, Department of Botany, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil; <sup>3</sup>Pos graduate Program of Genetics and Molecular Biology (PPGBM), Department of Genetics, Bioscience Institute, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brazil. E-mail: caroline.turchetto@ufrgs.br, analuciasegatto@gmail.com

The Campos Sulinos is a grassland ecosystem occurring in Brazilian territory that belongs to two phytogeographic domains, the Brazilian Atlantic Forest and the Pampa. Floristic and phylogenetic analyses have pointed the vegetation differences in those open ecosystems. Thus, it is crucial to understand the process driving plant diversity within each region to identify the main ecological drivers of genetic structure at different spatial scales and to forecast the response of grassland species to climate change. Here we conducted a systematic review for synthesizing research findings in plant microevolution in Campos Sulinos. Then, we summarize the research through meta-analyses and narrative reviews. We also explored some perspectives to employ population genetics data in conservation efforts. Our synthesis of 59 studies represents 28 genera and 19 plant families, most of which are herbs. Most species showed structured populations, the levels of genetic diversity were high, and some species presented a north-south gradient of genetic diversity. Although the influence of Pleistocene past climate changes on the habitat distribution is associated with the diversification patterns in plant species from Campos Sulinos, the rapid environmental changes coupled with the habitat loss due to land use can threaten the persistence and evolution of species. Finally, we argued that, whenever possible, the management in the Anthropocene should include the conservation of populations' genetic diversity.

## LA GEOGRAFÍA DE LA VULNERABILIDAD DE *Aspidosperma quebracho-blanco* Schltdl. (APOCYNACEAE), UNA ESPECIE EMBLEMÁTICA DEL GRAN CHACO SUDAMERICANO

Almirón Noelia E.A.<sup>1</sup>, G. Vía do Pico<sup>1</sup>, A. Cosacov<sup>2</sup>, E.N. Paredes<sup>1</sup>, G.A. Robledo Dobladez<sup>1,3</sup>, V.G. Solís Neffa<sup>1,3</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución Vegetal, Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET – Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>Laboratorio de Ecología Evolutiva-Biología Floral, Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET-Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: emiliaalmiron@yahoo.com.ar

*Aspidosperma quebracho-blanco* es una especie clave del Gran Chaco, uno de los bosques más amenazados en Sudamérica. El conocimiento de la diversidad genética, la distribución geográfica y ecología de especies clave es fundamental para la planificación y previsión de la conservación de los bosques. Combinando análisis genético-poblacionales, de modelado de nicho ecológico (ENM) presente y futuros, uso y cobertura de suelo (LULC) y la presencia de áreas protegidas (AP) analizamos el impacto del uso del suelo y el cambio climático en los patrones de variabilidad genética y la distribución de la especie, con el objetivo de cartografiar su vulnerabilidad y proponer estrategias de conservación. Los resultados mostraron una estructura genética moderada y tres grupos genéticos en *A. quebracho-blanco*. Los ENM futuros revelaron la reducción de la idoneidad climática para la especie y una tendencia al desplazamiento hacia el sur-sureste. Más del 50% de la distribución de la especie está afectada principalmente por el uso agropecuario. El ENM presente+AP indicó una sub-representación del área de distribución potencial de la especie. Se identificaron cuatro áreas con diferentes niveles de vulnerabilidad, donde proponemos conservación *in situ*, *ex situ* o restauración según cada caso. A corto plazo *A. quebracho-blanco* debería ser re-clasificada como amenazada o en peligro y sugieren la necesidad de priorizar la conservación y restauración de las poblaciones remanentes y la ampliación de los espacios naturales tanto en áreas protegidas como en los sistemas agropecuarios.

## DIVERSIDAD GENÉTICA DE ÁRBOLES DEL CHACO SECO: LOS DATOS CRECEN, LA APLICACIÓN EN CONSERVACIÓN DA SUS PRIMEROS PASOS

Camps G.A.<sup>1</sup>, A.N. Sérsic<sup>1</sup>, M.C. Acosta<sup>1,2</sup>, A. Verga<sup>3</sup>, C. Vega<sup>4</sup>, D. Lopez-Lauenstein<sup>4</sup>, D. Aguilar<sup>1</sup>, M. Baranzelli<sup>1</sup>, M.L. González<sup>1</sup>, G.M. Vía Do Pico<sup>5</sup>, N.E. Almirón<sup>5</sup>, V. Solís Neffa<sup>5</sup>, A. Cosacov<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET-UNC, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, UNC, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Agencia de Extensión Rural La Rioja – INTA, La Rioja, Argentina; <sup>4</sup>Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV), CIAP-INTA, Córdoba, Argentina; <sup>5</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: campsandres@gmail.com

Los estudios en diversidad genética de especies arbóreas del Chaco Seco se han incrementado en la última década, no así su utilización como herramientas de conservación. El objetivo fue revisar los estudios sobre diversidad genética de especies forestales del Chaco Seco e identificar herramientas de genética de la conservación utilizadas y potenciales. La información genética provino de regiones no codificantes del ADNcp y ADNn y microsatélites de ADNn, en muestras de Argentina, Bolivia y Paraguay. Se estudió la diversidad genética de *Gonopterodendron sarmientoi* (Lorentz ex Griseb.) A.C. Godoy-Bürki, *Prosopis alba* Griseb., *P. chilensis* (Molina) Stuntz y *Aspidosperma quebracho-blanco* Schltdl. Análisis sobre estructura genética poblacional, filogeografía, índices de diversidad y demografía histórica fueron los más utilizados. Las herramientas genéticas para la conservación incluyeron propuestas de unidades de conservación, bancos de germoplasma y áreas de rescate genético; como aplicaciones potenciales se propusieron unidades ecológicas-evolutivas, estrategias de reforestación, monitoreo de erosión genética y la identificación de áreas de manejo sostenible, entre otras. Algunos desafíos comprenden estudiar especies débilmente investigadas como *Libidibia paraguariensis* (D. Parodi) G.P. Lewis, *Schinopsis* spp., *Tabebuia*



*nodosa* (Griseb.) Griseb., la integración disciplinaria, el fortalecimiento nexo ciencia-práctica, la incorporación implícita de objetivos y metodologías de conservación y planificación para relevar datos genéticos en áreas cercanas (conservación a nivel paisaje).

---

## FILOGEOGRAFÍA Y ESTRUCTURA GENÉTICA APLICADA A LA CONSERVACIÓN DE ESPECIES DE LA FAUNA CHACO-PAMPEANA

Coordinadora: Susana Pistorale. Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: susanapistorale@unnoba.edu.ar

La actual crisis de biodiversidad generada por la extinción de especies requiere la identificación de áreas prioritarias para dirigir recursos económicos, así como la planificación e implementación de estrategias efectivas de conservación. En este contexto, el conocimiento de los patrones filogeográficos y genético-poblacionales de las especies de la fauna autóctona resulta fundamental para comprender los patrones de distribución de la variabilidad genética, así como los procesos evolutivos que los determinan. Esta información resulta relevante para la definición correcta de unidades biológicas para el establecimiento de prioridades de manejo y conservación. Asimismo, los estudios de ADN ambiental representan un método de monitoreo indirecto de fauna que resulta eficaz para aportar al diseño de planes para su manejo y conservación. La fauna nativa de la región Chaco-Pampeana incluye una gran diversidad y abundancia de especies. En la actualidad, muchas de ellas están amenazadas directa o indirectamente debido, principalmente, a la pérdida de hábitat, la transformación de ecosistemas naturales en tierras de uso agropecuario, la expansión de los asentamientos humanos, la caza y la introducción de especies exóticas, no existiendo acciones coordinadas para su conservación en el país. En este Simposio se analizan los patrones genético-poblacionales y filogeográficos de especies relevantes de la fauna chaco-pampeana, su aplicación a la identificación en la conservación de la diversidad biológica y en planes de reintroducción y monitoreo.

---

## GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN DE FAUNA SILVESTRE: DOS EJEMPLOS DE SU APLICACIÓN EN ARGENTINA

Amavet P. Laboratorio de Genética, Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral-CONICET, Santa Fe, Argentina. E-mail: pamavet@fhuc.unl.edu.ar

Muchas especies de fauna silvestre poseen problemas de conservación debido a diferentes actividades antrópicas que amenazan sus poblaciones. La tortuga terrestre argentina (*Chelonoidis chilensis*) es categorizada como Vulnerable por IUCN, pero se comercializa ilegalmente como mascota en Argentina. A partir de una campaña de una asociación proteccionista, 33 tortugas mantenidas como mascotas fueron entregadas a un Centro de Rescate de Fauna de Santa Fe con el objetivo de reintroducirlas en la naturaleza. Para analizar la factibilidad de la liberación de los individuos se los evaluó clínica y conductualmente, y se determinó su población de origen mediante su haplotipo mitocondrial. Como resultado se liberaron 26 tortugas dentro de su población de origen y monitoreos posteriores demostraron que su reintroducción fue exitosa. Otra especie que en nuestro país está categorizada como Vulnerable es el aguará guazú (*Chrysocyon brachyurus*), declarada Monumento Natural Provincial en Santa Fe, Corrientes, Chaco y Misiones. A pesar de poseer dicha categoría de conservación, la situación real de sus poblaciones es desconocida, no existiendo acciones coordinadas para su conservación en el país. Para evaluar su situación poblacional en Santa Fe se desarrollaron estudios de ADN ambiental mediante el análisis de muestras de agua y suelo. Los resultados muestran la presencia de ejemplares de aguará guazú en diferentes ambientes y que los estudios de ADN ambiental representan un método de monitoreo indirecto de fauna, eficaz para aportar al diseño de planes para su manejo y conservación.

## FILOGEOGRAFÍA Y TAXONOMÍA MOLECULAR APLICADAS A LA BIOLOGÍA DE LA CONSERVACIÓN: CASOS DE ESTUDIO EN ESPECIES DE *Ctenomys* Blainville Y EN *Puma concolor* L.

Fernández G.P.<sup>1</sup>, M.E. Mac Allister<sup>1,2</sup>, C.S. Carnovale<sup>1,2</sup>, M.S. Mora<sup>2,3</sup>, A. Travaini<sup>2,4</sup>, J.I. Túnez<sup>2,5</sup>, M.L. Merino<sup>1,6</sup>. <sup>1</sup>Centro de Bioinvestigaciones, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA-CICPBA)/Centro de Investigaciones y Transferencias del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (CITNOBA-CONICET), UNNOBA-UNSAa, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMyC-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Centro de Investigaciones Puerto Deseado (UNPA), Santa Cruz, Argentina; <sup>5</sup>Grupo de Investigación en Ecología Molecular, Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-CONICET-UNLu), Buenos Aires, Argentina; <sup>6</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CICPBA), Buenos Aires, Argentina. E-mail: gabriela.fernandez@nexo.unnoba.edu.ar

La transformación de ecosistemas naturales en tierras de uso agropecuario, la expansión de los asentamientos humanos, la caza, y la introducción de especies exóticas, afectan directa o indirectamente a gran parte de las especies nativas de todos los ecosistemas. Por esta razón, es fundamental conocer y definir correctamente las unidades biológicas, comprender los patrones de distribución de la variabilidad genética, sus características distintivas tanto a nivel intra como inter-específico, así como los procesos evolutivos que los determinan. Con esta finalidad se estimó la variabilidad genética y los principales quiebres filogeográficos en dos grandes grupos de mamíferos nativos, diferenciados tanto en sus características biológicas, como en sus problemáticas taxonómicas y de conservación; roedores subterráneos del género *Ctenomys* (grupo *talarum*) y poblaciones de *Puma concolor* del centro y sur de Argentina. Este abordaje metodológico fue realizado a partir del uso de marcadores moleculares mitocondriales (ej. ND5, D-loop y citocromo b). *Ctenomys talarum* y *C. pundti* no mostraron diferencias filogenéticas que justifiquen su asignación a Unidades Evolutivamente Significativas (UES) diferentes, mientras que en el caso de *P. concolor* se identificaron dos clados principales recíprocamente monofiléticos, concordantes con las subespecies *P. c. puma* y *P. c. cabreræ*. La definición de UES nos brinda un marco teórico valioso tanto para poner a prueba hipótesis taxonómicas, como para establecer prioridades entre grupos filogenéticos con fines de manejo y conservación.

## FILOGEOGRAFÍA Y ESTRUCTURA GENÉTICA DEL CARPINCHO, *Hydrochoerus hydrochaeris* L., EN LA REGIÓN CHACO-PAMPEANA

Byrne M.S.<sup>1,2</sup>, R.D. Quintana<sup>3,4,5</sup>, M.L. Bolkovic<sup>6</sup>, J.I. Túnez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Ecología Molecular (GIEM), Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-UNLu-CONICET), Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Laboratorio de Biodiversidad, Limnología y Biología de la Conservación, Instituto de Investigación e Ingeniería Ambiental (3iA), UNSAM, General San Martín, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>GIEH, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA, Buenos Aires, Argentina; <sup>5</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; <sup>6</sup>Dirección Nacional de Biodiversidad, Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sustentable, Buenos Aires, Argentina. E-mail: solebyrne@gmail.com

El carpincho, *Hydrochoerus hydrochaeris* L., es un roedor herbívoro que habita en las cercanías de cuerpos de agua dulce de Sudamérica. En Argentina se lo encuentra desde el norte del país hasta el sur del Río Quequén Salado en el sur de la Provincia de Buenos Aires. A pesar de ser una especie ampliamente conocida, los estudios genético-poblacionales sobre ella son escasos. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue analizar la diversidad, estructura genética y la dinámica poblacional histórica de la especie en la región Chaco-Pampeana utilizando como marcador molecular secuencias de la región control del ADN mitocondrial obtenido a partir de muestras

no invasivas. Los resultados obtenidos de los análisis Bayesianos indicaron la existencia de cuatro Haplogrupos diferentes. El Haplogrupo I estuvo formado por individuos pertenecientes a la mayor parte del área de estudio, mientras que los restantes incluyeron individuos de sitios de Paraguay (Haplogrupos III y IV) o de Argentina (Haplogrupo II). La diversidad genética fue baja para los Haplogrupos I, III y IV. Los datos obtenidos sugirieron que los ríos Paraná y Paraguay actuarían como corredores que facilitarían la migración. Los análisis de dinámica poblacional histórica y la red de haplotipos mostraron expansiones poblacionales en el pasado y una zona de contacto secundario entre los Haplogrupos I-II y I-IV, lo que podría relacionarse con la formación de los Esteros del Iberá. Estos resultados deben tomarse como hipótesis para futuros estudios genético-poblacionales en la especie y en otras que habiten en la región.

---

## **EVALUACION DE LA HIPOTESIS DE BARRERAS RIBEREÑAS EN LA CUENCA SUBTROPICAL MAS GRANDE DEL NEOTROPICO**

Kopuchian C.<sup>1</sup>, L. Campagna<sup>2,3</sup>, D.A. Lijtmaer<sup>4</sup>, G.S. Cabanne<sup>4</sup>, N.C. García<sup>2,4</sup>, P.D. Lavinia<sup>4</sup>, P.L. Tubaro<sup>4</sup>, I. Lovette<sup>2,3</sup>, A.S. Di Giacomo<sup>1</sup>.<sup>1</sup>Laboratorio de Biología de la Conservación, CECOAL (Centro de Ecología Aplicada del Litoral) CONICET, Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>Fuller Evolutionary Biology Program, Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, USA; <sup>3</sup>Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University, Ithaca, USA; <sup>4</sup>División Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" MACN-CONICET, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. E-mail: ckopuchian@gmail.com

La hipótesis de barreras ribereñas propone que los grandes ríos representan una barrera geográfica para dispersión de los organismos, conduciendo a la diferenciación entre poblaciones y, eventualmente, a la especiación. Esta hipótesis fue planteada en un primer momento en relación a la cuenca del Río Amazonas, que incluye los ríos más grandes del Neotrópico. Evaluamos si el eje de los ríos Paraná-Paraguay en la cuenca Del Plata, la segunda en importancia en Sudamérica, actúa como una barrera para el flujo génico en algunas especies de aves. Evaluamos la diferenciación genómica en siete especies que tienen subespecies descritas a cada lado del eje de estos ríos. Sólo una de las especies mostró una diferenciación genética concordante con el curso actual de los ríos Paraná-Paraguay, mientras otras cinco mostraron una estructura poblacional con una separación este-oeste no concordante con la ubicación actual del eje de estos ríos, pero que coincide con su paleo-cauce, sugiriendo un posible rol en la estructura genética observada. La datación de los tiempos de divergencia muestra que los eventos que promovieron la diferenciación genética no fueron concordantes en el tiempo, indicando que el sistema de ríos no actuó como una barrera vicariante que haya afectado a todas las especies de la misma forma. Nuestros resultados apoyan la idea de que las respuestas a las barreras geográficas son especie-específicas y deben ser analizadas en el contexto de la historia geológica, las diferencias entre las ecorregiones, y las características particulares de la biología de cada especie.