

Lilloa

Volumen **45**

— *Suplemento* —

Resúmenes *del*
XXXVIII Congreso Argentino de Genética

20 al 23 de setiembre de 2009



Fundación Miguel Lillo

— 2009 —

Lilloa

Serie periódica editada por la Fundación Miguel Lillo, que publica trabajos científicos originales sobre botánica, incluidos principalmente temas ecológicos, anatómicos, fisiológicos, citológicos, genéticos, palinológicos y fitogeográficos correspondientes a la flora del cono sur americano. Los trabajos son evaluados por árbitros externos e internos.

I S S N 0 0 7 5 – 9 4 8 1

© 2009, **Fundación Miguel Lillo**. Todos los derechos reservados.

Fundación Miguel Lillo
Miguel Lillo 251
(4000) San Miguel de Tucumán
Argentina
Telefax +54 381 433 0868
www.lillo.org.ar

Editora de *Lilloa*: Ana María Frías de Fernández
Editor gráfico: Gustavo Sánchez

Comité editorial:
Ana María Frías de Fernández (Fundación Miguel Lillo)
Beatriz Tracanna (Universidad Nacional de Tucumán)
Juan A. González (Fundación Miguel Lillo)

Publicación indexada en las siguientes bases de datos:
Referativny Zhurnal, Biological Abstracts, Biosis Review, Bulletin Signalétique, Biologie et Physiologie Végétale, Vie et Milieu, Life and Environment, Periodica, Latindex.

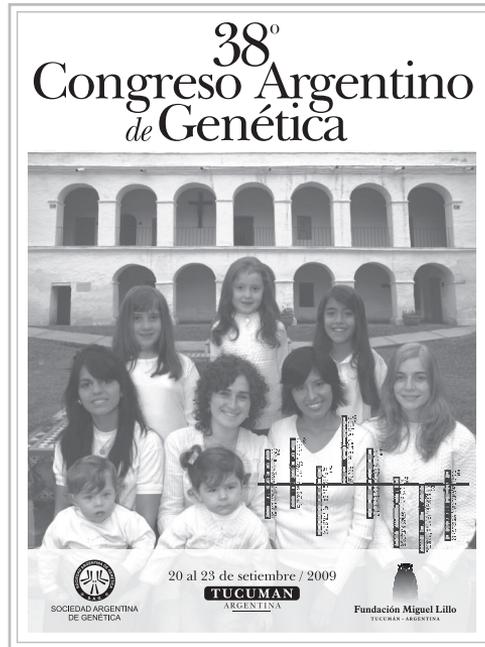
Canjes:
Centro de Información Geo-Biológico del Noroeste Argentino,
Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, (4000) San Miguel de Tucumán, Argentina.
Correo electrónico: biblioteca@lillo.org.ar

Ref. bibliográfica: *Lilloa* 45, Suplemento: XXXVIII Congreso Argentino de Genética, Tucumán, 2009.

Periodicidad: un volumen anual en dos números.

Impresión: Artes Gráficas Crivelli S.A.I.C.A.I.
Propiedad intelectual N° 315450.
Prohibida su reproducción total o parcial.
Impreso en la Argentina.
Printed in Argentina.

Resúmenes *del*
XXXVIII Congreso Argentino de Genética



20-23 de setiembre / 2009
San Miguel de Tucumán, Argentina

Organizan:
Sociedad Argentina de Genética
Fundación Miguel Lillo

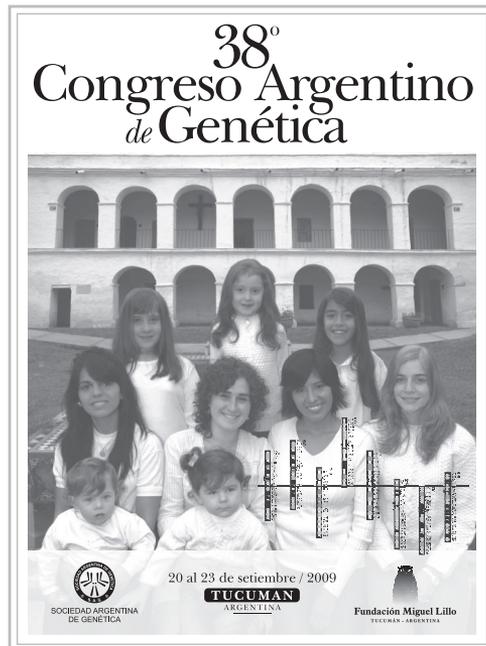
COMISIÓN ORGANIZADORA LOCAL

Dra. María E. Lozzia de Canelada
— *Presidente* —

Dr. Roque Carrero Valenzuela
— *Secretario* —

Prof. María Elena Cristóbal
— *Tesorera* —

Lic. Graciela Ruiz de Bigliardo
Lic. María Sara Caro
Ing. Mgter. Adriana Pastoriza de Tarifa
Dra. Mirta Abdala
Dra. Silvia Colombo de Holgado
— *Vocales* —



AUSPICIANTES Y PATROCINADORES

Fundación Miguel Lillo
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)
Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (ANPCyT)

Universidad Nacional de Tucumán
Facultad de Medicina (UNT)
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT)
Facultad de Agronomía y Zootecnia
Ente Cultural Tucumán
Ente Tucumán Turismo
Honorable Legislatura de Tucumán
Municipalidad de San Miguel de Tucumán
Ministerio de Salud Pública
Sistema Provincial de Salud

CONTRIBUCIÓN DE LAS SIGUIENTES EMPRESAS

Instrumentalia (Applied Spectral Imaging)
Biocientífica
Bio-Optic
Zeiss



Sociedad Argentina de Genética
Autoridades 2007-2009

Ing. Carlos Mezzadra (INTA-Balcarce)
— *Presidente* —

Ing. Agr. Roxana Zorzoli (Fac. Cs. Agr., UN Rosario)
— *Vicepresidente 2do* —

Dr. Eduardo Greizerstein (Fac. Cs. Exactas y Nat., UBA)
— *Secretario* —

Dra. Teresa C. de Negrotti (Hosp. Italiano, Ciudad de Buenos Aires)
— *Tesorera* —

Dr. Fernando Castaño (UNMdeP-Balcarce)
— *Vocal 1ro* —

Verónica Rípoli (IGEVET - UNLP - CONICET)
— *Vocal 2do* —

María Gabriela Pacheco (CNIA, INTA-Castelar)
— *Vocal 3ro* —

Dr. Pablo Corva (UNMdeP-Balcarce)
— *Vocal suplente 1ro* —

Ing. Agr. Elba Pagano (CNIA,INTA-Castelar)
— *Vocal suplente 2do* —

Dr. Pedro Rimieri (INTA- Pergamino)
— *Revisor de Cuentas* —

Prefacio y agradecimientos

La revista *Lilloa* es una serie periódica editada por la Fundación Miguel Lillo que está dedicada a publicar trabajos científicos originales sobre Botánica. El presente volumen es un Suplemento especial que contiene los Resúmenes del **XXXVIII Congreso Argentino de Genética** que se llevará a cabo en la ciudad de San Miguel de Tucumán, Argentina, los días 20 al 23 de setiembre de 2009.

Este Congreso, que ha sido organizado por la Sociedad Argentina de Genética y por la Comisión Organizadora local, congrega a investigadores y estudiantes de esta prestigiosa y pujante disciplina que en sus diversas especialidades cubre todo el arco biológico. Diferentes instituciones han permitido concretar este evento, que se desarrolla anualmente en nuestro país, mediante su patrocinio y auspicio.

Cabe destacar en forma especial la valiosa contribución de la Fundación Miguel Lillo que entre otros aspectos ha permitido la impresión de este volumen. Vaya en consecuencia nuestro profundo agradecimiento al Presidente de la Comisión Asesora Dr. Jorge L. Rougés, a la Sra. Directora General y Editora de la revista, Lic. Ana M. Frías de Fernández y a la Directora del Área Botánica, Prof. María E. Cristóbal

No podemos dejar de mencionar las Instituciones que han contribuido al financiamiento de este Congreso: Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica; Universidad Nacional de Tucumán; Gobierno de la Provincia de Tucumán (Ente Turismo, Siprosa, Ministerio de Salud Pública); Intendencia de San Miguel de Tucumán y firmas comerciales (ASI Instrumentalia, Bio-Optic, Biocientífica, Zeiss) a las cuales agradecemos su colaboración.

Se debe mencionar y agradecer el auspicio brindado por la UNT a través de sus Facultades de Agronomía y Zootecnia; Ciencias Naturales, Medicina; a la Estación Experimental Agroindustrial O. Colombes y a la colaboración de todas aquellas personas que han trabajado en la organización de este Congreso. Mención especial merece la Comisión Evaluadora de resúmenes, integrada por los siguientes investigadores: Pedro Rimieri, Graciela Nestares, Patricia Silva, Ricardo Di Masso, Guillermo Giovambattista, Carlos Mezzadra, María José Bressa, Viviana Solís Neffa, Graciela Lavia, Roque Carrero Valenzuela, Silvia Ávila, Francisco Pantuso, María Cristina Pastori, Julio De Luca, Fabián Norry, Cecilia Bessega, María Victoria García, Irene Szijan, Verónica Ferreyra, Patricia Kaminker, Cristina Barreiro, Martín Roubicek, Graciela Del Rey. Agradecemos asimismo a los autores de las contribuciones científicas que se presentan, los cuales representan el sentido y objetivo de este Congreso.

El XXXVIII Congreso Argentino de Genética servirá de marco para la puesta en funcionamiento de la Unidad de Microscopía Espectral de la UNT, segundo nodo del complejo multicéntrico montado por la UNT, el SIPROSA y la Fundación Miguel Lillo para realizar estudios biológicos y biomédicos de alta tecnología, con fondos del Proyecto 228 del PME 2003. A tal efecto, el programa del Congreso incluye un Taller precongreso y una visita guiada. Agradecemos por ello a la Dra. Silvia Colombo de Holgado, Directora de la Unidad de Microscopía Espectral de la UNT y a ASI Instrumentalia (Applied Spectral Imaging).

Dra. MARÍA EVA LOZZIA DE CANELADA
Presidente Comisión Organizadora
S. M. de Tucumán, Setiembre de 2009

Programa

DOMINGO 20/09/09

15:00 – 18:00 hs. Inscripciones. 1° Piso.

18:00 hs. Acto Inaugural. “Conferencia Francisco A. Sáez”: “Feliz cumpleaños Darwin” (Dr. N. Bianchi). Salón II (2° Piso).

19:00 hs. Acto Artístico (Salón II).

20:00 hs. Cóctel de bienvenida. Salón III (2° Piso).

LUNES 21/09/09

8:00 – 9:00 hs. Inscripciones. 1° Piso.

10:00 – 11:00 hs. Conferencia “Citogenética Animal” (Dra. Papeschi). Salón II.

10:00 – 12:00 hs. Posters Genética y Mejoramiento Vegetal 1ª parte y Docencia. Salón I.

11:00 – 13:00 hs. Taller de Citogenética (Demostración Estación Citogenética). Salón III.

12:00 – 13:00 hs. Conferencia “Genética Molecular en Camélidos” (Dra. L. Arbeletche de Vidal Rioja). Salón II.

13:00 – 14:00 hs. Receso. Almuerzo.

14:00 – 16:00 hs. Simposio “Mejoramiento en Cabras”. Coordinador: Ing. F. Holgado. Salón II.

14:00 – 16:00 hs. Simposio “Docencia en Genética”. Coordinador: Dr. R. Carrero Valenzuela. Salón III.

14:00 – 16:00 hs. Posters Genética y Mejoramiento Vegetal 2ª parte. Salón I.

16:00 – 17:00 hs. Conferencia “Evolución cromosómica en citrus revelada por diferentes sondas moleculares” (Dr. M. Guerra). Salón II.

16:00 – 18:00 hs. Simposio “Mejoramiento en Camélidos”. Coordinadora: J. Von Thüngen. Salón III.

MARTES 22/09/09

8:00 – 9:00 hs. Inscripciones. 1° Piso.

9:00 – 11:00 hs. Visita guiada organizada por la Comisión Local a la Unidad de Microscopía Espectral de la UNT.

10:00 – 11:00 hs. Conferencia “Mejoramiento Genético en abejas” (Dra. A. Palacio). Salón II.

10:00 – 12:00 hs. Posters Citogenética Vegetal y Citogenética Animal. Salón I.

11:00 – 13:00 hs. Simposio “Problemáticas, desafíos y oportunidades de la mejora genética en especies vegetales de interés en el NOA”. Coordinador: Ing. J. Mariotti. Salón II.

12:00 – 14:00 hs. Simposio “Genética y Discapacidad”. Coordinadora: Dra. M. Abdala. Salón III.

13:00 – 14:00 hs. Receso. Almuerzo.

12:00 hs. Feria Tecnológica organizada por la Comisión Local. Salón IV (1° Piso).

14:00 – 15:00 hs. Conferencia “Stem cells”. Dra. Ornella Parolini (Italia). Salón II.
14:00 – 16:00 hs. Simposio “Mejoramiento genético del cultivo de la soja. Perspectivas futuras”. Est. Exp. Agr. Obispo Colombres (EEAOC). Coordinador: Ing. M. Devani. Salón III.
14:00 – 16:00 hs. Posters Mutagénesis y Genética y Mejoramiento Animal. Salón I.
15:00 – 17:00 hs. Simposio “Terapia Molecular”. Coordinadora: Dra. I. Szijan. Salón II.
17:00 – 18:00 hs. Conferencia “Favret”: “Descubramos la variabilidad oculta en el geroplasma silvestre”. Ing. Elsa Gilardón. Salón II.
18:00 hs. Asamblea Ordinaria. Salón II.
21:00 hs. Cena de Camaradería. Salón III.

MIÉRCOLES 23/09/09

8:00 – 9:00 hs. Inscripciones. 1º Piso.
8:00 – 11:00 hs. Visita guiada Reserva Experimental Horco Molle (REHM) de la Fac. de Cs. Naturales de la UNT.
8:00 – 11:00 hs. Visita guiada Estación Experimental Agroindustrial O. Colombres.
8:00 – 11:00 hs. Visita guiada organizada por la Comisión Local a la Estación Experimental de Leales.
10:00 – 11:00 hs. Conferencia “Farmacogenética” (Dr. A. Llerena). Salón II.
10:00 – 12:00 hs. Posters Genética Molecular, Genética Poblaciones y Evolución, Docencia. Salón I.
11:00 – 13:00 hs. Taller “Porfirias y Porfirinas”. Coordinadoras: Dres. V. Parera y V. Rossetti. Salón II.
13:00 – 14:00 hs. Receso. Almuerzo.
13:00 hs. Feria Tecnológica organizada por la Comisión Local. Salón IV.
14:00 – 16:00 hs. Simposio “Evolución”. Coordinador: Dr. E. Hasson. Salón II.
14:00 – 16:00 hs. Posters Genética Molecular Humana, Genética Médica y Citogenética Humana. Salón I.
16:00 – 17:00 hs. Conferencia “Citogenética del Cáncer”. Dr. Peter Ambros. Salón II.
17:00 – 18:00 hs. Conferencia Dr. Criscuolo. Salón II.
18:00 hs. Cierre. Salón II.



SOCIEDAD ARGENTINA
DE GENÉTICA



Fundación Miguel Lillo
TUCUMÁN - ARGENTINA

Conferencias

FELIZ CUMPLEAÑOS DARWIN

Néstor O. Bianchi

IMBICE La Plata, nobianchi@speedy.com.ar

La teoría evolutiva de Darwin es uno de esos pocos casos donde las ideas de su creador no necesitaron madurar ni ser redescubiertas, ya que desde su enunciado generaron un fuerte impacto en la sociedad en general y en el mundo científico en particular. Desde 1858 hasta la fecha la Teoría Evolutiva ha sido mejorada con los aportes de la Genética Mendeliana y la Genética Molecular, ha sido también profusamente discutida y desafiada en los ámbitos religiosos, empleada políticamente para justificar algunas medidas del capitalismo extremo y demonizada por el comunismo Stalinista, que abrazó la seudogenética Lysenkoista para resaltar las ventajas del sistema. La cantidad de publicaciones en el ámbito de la Biología, Ciencias Socio-políticas, Filosofía y Religión vinculadas a la Teoría Evolutiva es tan gigantesca que impide sintetizarlas por una sola persona en el transcurso de una conferencia. En consecuencia, mi presentación resaltaré algunos aspectos poco conocidos de la vida de Darwin, su entorno, su familia y sus creencias. Analizaré la navegación de Darwin en el Beagle desde las perspectivas históricas que la precedieron y que motivaron el viaje. Se ilustrará las condiciones de vida de Darwin en el Beagle y algunos otros aspectos relevantes de la aventura. La condición de ser humano y de investigador científico de Darwin se resaltaré por el opuesto, mencionando algunas inconsistencias y defectos que desmitifican el personaje dándole su real dimensión. Finalmente se citarán algunas publicaciones que permiten avizorar el futuro de la Teoría Evolutiva.

DETERMINACIÓN DEL SEXO Y CROMOSOMAS SEXUALES EN INSECTOS

Papeschi A. G.

Laboratorio de Citogenética y Evolución, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. E-mail: alpape@ege.fcen.uba.ar

La mayoría de los insectos presentan sexos separados y los mecanismos de determinación sexual se relacionan con la presencia de cromosomas sexuales diferenciados; en otros casos estos mecanismos implican haplodiploidía estructural o funcional (los machos provienen de huevos sin fecundar, haploides; las hembras nacen de los huevos fecundados, diploides). En las especies que poseen cromosomas sexuales, la diferenciación estructural entre los cromosomas X e Y o Z y W varía desde imperceptible (cromosomas sexuales homomórficos) hasta muy conspicua (cromosomas sexuales heteromórficos). En la evolución de los cromosomas sexuales está ampliamente aceptado que luego de la adquisición de la función de determinación del sexo le sigue una primera etapa de restricción de la recombinación, para preservar el locus relacionado con la determinación sexual, una acumulación de mutaciones y una diferenciación a nivel molecular. A partir de los sistemas sexuales simples surgen diferentes sistemas derivados, sistemas múltiples y neo-sistemas. Esta gran diversidad hace de los insectos un modelo muy útil para estudiar la evolución de los cromosomas sexuales. La aplicación de diferentes técnicas de citogenética molecular, como la hibridación genómica (GISH) y la hibridación genómica comparada (CGH) (variantes de la técnica de hibridación *in situ* fluorescente que usan uno o dos ADN genómicos marcados diferencialmente como sondas, respectivamente) permite analizar de manera general el grado de diferenciación alcanzado por los cromosomas sexuales. Estas metodologías están siendo actualmente utilizadas en diferentes grupos de insectos, como Lepidoptera y recientemente Heteroptera.

 GENÉTICA MOLECULAR EN CAMÉLIDOS

 L. Arbeletche de Vidal Rioja

 EVOLUÇÃO CROMOSSÔMICA EM *CITRUS*
 REVELADA POR DIFERENTES SONDAS
 MOLECULARES

Marcelo Guerra

 Dpto. Botany, Universidad Federal de Pernambuco,
 Recife (Brasil). e-mail: msfguerra@hotmail.com

Citrus é um dos gêneros mais importantes de plantas cultivadas, sendo a laranja-doce a principal fruteira mundial. A ocorrência de sementes poliembriônicas e o baixo isolamento reprodutivo tornaram a taxonomia do gênero uma das mais complexas entre as angiospermas. Por outro lado, a citogenética dos *Citrus* era até recentemente muito pouco informativa, tendo todas as espécies um cariótipo muito similar, com $2n = 18$. No entanto, a análise dos cromossomos dessas espécies com o fluorocromo cromomicina A₃ (CMA) revelou que havia um extenso polimorfismo de bandas ricas em GC, permitindo caracterizar citologicamente a maioria das espécies e cultivares. Dessa maneira, foi possível identificar um pequeno grupo de acessos homomórficos para bandas CMA (aparentemente coincidindo com as espécies verdadeiras) e uma grande maioria de acessos heteromórficos (provavelmente híbridos interespecíficos mantidos por reprodução assexuada). A análise com sondas para DNAr 5S e 45S confirmou a homozigose das espécies verdadeiras e revelou polimorfismos adicionais nos acessos híbridos. Uma visão mais detalhada das relações entre essas espécies está sendo revelada pelo mapeamento comparado de sondas com BACs genômicos obtidos de uma espécie de um gênero próximo (*Poncirus trifoliata*). Paralelamente, a relação entre as espécies de *Citrus*, bem como entre os gêneros próximos, está sendo avaliada com base no DNA satélite principal dessas espécies. Os resultados sugerem a existência de um pequeno número de espécies de *Citrus*, caracterizados por rearranjos cromossômicos próprios e

amplificações/desamplificações de bandas CMA. A seqüência satélite principal está espalhada por outros gêneros próximos, porém com diferentes graus de similaridade.

MEJORAMIENTO GENETICO EN ABEJAS

 A. Palacio

 STEM CELLS FOR REGENERATIVE
 MEDICINE: CHARACTERISTICS, POTENTIAL
 AND EMERGING SOURCES

 Ornella Parolini,¹ E. Menni²
¹ Centro di Ricerca.

² Fondazione Poliambulanza, Brescia Italy.

Regenerative medicine based on cell therapy and tissue engineering is a newly emerging, multidisciplinary field involving biology, medicine and genetic manipulation, and aims at maintaining, restoring, or enhancing tissue and organ function to assist in the treatment of a number of human conditions ranging in severity from chronic to life threatening. In this context, stem cell research holds great promise as an efficient avenue toward the establishment of such therapies. However, key questions remain in the development of this promising approach: is it better to use pluripotent cell types capable of differentiating into all tissues as opposed to using committed, lineage-specific cells? Furthermore, will the immunological features of these cells permit their application in an allogeneic setting?

Currently, the search for cells with high stem potential that are easily accessible and available in plentiful supply remains open. To this end, recent attention has turned toward the human term placenta, which due to its early embryological origin and essential role in maintaining fetomaternal tolerance, could act as a source of cells with differentiation capacity and immunomodulatory features that would make them applicable in regenerative medicine. Indeed, promising results obtained to date show that cells derived from the fetal membranes of human placenta not only present with multi-lineage

differentiation potential, but also display immunomodulatory effects both in vitro and in vivo.

Aspects including in vitro findings, pre-clinical experimentation and immunological properties of placenta-derived stem cells will therefore be discussed in the context of their potential clinical applications.

DESCUBRAMOS LA VARIABILIDAD OCULTA EN EL GERMOPLASMA SILVESTRE

Elsa Gilardón

Cátedra de Genética. Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta. gilardon@unsa.edu.ar.

El mejoramiento genético de los cultivos se basa frecuentemente en el intercrucamiento repetido de un número limitado de líneas élite, olvidando muchas veces la variabilidad existente en las variedades antiguas y en las especies silvestres relacionadas. Históricamente se han utilizado las especies silvestres como fuente de genes mendelianos dominantes, relativamente fáciles de introducir por retrocruza en las variedades cultivadas. A pesar del gran potencial genético conservado en los bancos de germoplasma, no se lo ha explotado debidamente, especialmente para mejorar caracteres complejos importantes para la agricultura, como rendimiento, calidad nutricional, y resistencia a diversos factores bióticos y abióticos. Dichos caracteres son en su mayoría de herencia poligénica, cuya expresión se debe a la interacción de numerosos loci cuantitativos (QTLs) entre sí y con el background genético y el ambiente. Actualmente el mapeo de QTLs y la obtención de líneas de introgresión a partir de cruzamientos interespecíficos han demostrado que a pesar de ser fenotípicamente inferiores, son fuentes de alelos favorables para el mejoramiento de caracteres de importancia agronómica. Numerosos ejemplos demuestran que el análisis fenotípico de las especies silvestres no es suficiente para evaluar su potencial, ya que en poblaciones segregantes derivadas de cruzamientos interespecíficos se ha podido detectar el aporte de alelos positivos para caracteres de

importancia agronómica, que se expresa especialmente en la obtención de fenotipos transgresivos, debido a la acción complementaria de genes de ambos padres.

TRATAMIENTO PSICOFARMACOLOGICO Y FARMACOGENETICA DE POBLACIONES IBEROAMERICANAS

Adrián Llerena

CICAB Centro de Investigación Clínica del Área de Salud de Badajoz. Universidad de Extremadura. Hospital Universitario Infanta Crisitina www.cicab.es, allerena@unex.es

La detección de los polimorfismos metabólicos del citocromo P450 tiene una potencial aplicación clínica en la individualización de la terapéutica farmacológica para su optimización (Llerena y cols 1996), entre ellos por su influencia en la variabilidad interétnica en la respuesta a los fármacos. Describimos de un 6% de Metabolizadores Lentos en la Población española (Llerena 1988, Llerena y cols 1996). El polimorfismo CYP2D6 se relacionó con la participación en Ensayos Clínicos (Llerena 1988) y con la personalidad en la población sueca (Bertilsen y cols 1989), demostramos la relación del CYP2D6 con la personalidad en la población española (Llerena y cols 1993), postulando la participación de estos citocromos en el metabolismo de productos aminorados endógenos. En estudios posteriores determinamos esta relación en población cubana (González y cols 2008) y recientemente lo relacionamos y con variables cognitivas (Peñas-Lledó 2009 en prensa). En el análisis de la posible relevancia para psicopatología, encontramos que los Metabolizadores Lentos están en menor proporción entre los pacientes esquizofrénicos (Llerena *et al.* 2003), y recientemente encontramos que ningún Metabolizador Lento se encontraba entre los valorados en riesgo de psicopatología evaluada con el SCL90 R en voluntarios sanos (Pacheco-Puig 2008; Peñas-Lledó 2009 en prensa). Se ha demostrado que antipsicóticos y antidepresivos de gran importancia clínica (haloperidol, risperidona, tioridazina) pre-

sentan polimorfismo genético (Llerena y cols 1993; 1996, Llerena y cols 2009, Dorado *et al.* 2009, en prensa). Los polimosrfimos CYP2D6 pueden ser determinantes no solo para la vulnerabilidad a psicopatoogía y el funcionamiento psicológico, sino para explicar la variabilidad interindividual en la respuesta a los psicofármacos.

Este trabajo esta coordinado en la Red Iberoamericana de Farmacogenética CYTED 206RT0290 www.ribef.org

CITOGENÉTICA DEL CÁNCER

Peter Ambros

AVANCES ARGENTINOS EN BIOTECNOLOGÍA

Dr. Criscuolo



SOCIEDAD ARGENTINA
DE GENÉTICA



Fundación Miguel Lillo
TUCUMÁN - ARGENTINA

Simposios

Simposio: Ganado Caprino

Coordinador: Ing. Fernando Holgado

MEJORAMIENTO GENÉTICO EN LECHERÍA CAPRINA, DÓNDE ESTAMOS Y HACIA DÓNDE VAMOS

Maizon D.O.

INTA, EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", CC 11, Anguil (6326), La Pampa, Argentina.
dmaizon@anguil.inta.gov.ar

En el medio nacional, el mejoramiento genético de la producción lechera en caprinos debe sortear una serie de particularidades; por ejemplo, la heterogeneidad de los sistemas de producción, el empleo de distintos biotipos raciales, y la falta de un mercado que permita definir claramente los objetivos de selección, entre otros. Un control lechero oficial jugaría un rol fundamental, no sólo para la evaluación genética del recurso genético existente sino que también la evaluación de recursos genéticos foráneos muy promovidos por algunos sectores, claro que por si solo no resolverá el mejoramiento de las distintas poblaciones. El sector industrial indica que uno de los factores limitantes de la producción primaria es la baja producción individual y que las lactancias, además, son cortas. Mediante el presente trabajo, se revisa, desde el punto de vista de la evaluación y selección genética, posibles soluciones a la situación actual a partir de contextualizar conceptos clásicos de mejora, como por ejemplo la conexión genética entre hatos; el manejo de la selección en poblaciones pequeñas ya que la mayoría de las poblaciones en producción lo son; y la implementación de nuevos conceptos en evaluación genética. Finalmente, se repasa la presente propuesta que desde INTA se realiza para evaluación y mejoramiento, con el fin de generar una discusión que construya posibles soluciones y sea de utilidad a quienes toman decisiones.

MEJORAMIENTO GENÉTICO EN SISTEMAS DE PRODUCCIÓN DE CARNE CAPRINA

Lanari, M. R.

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Estación Experimental Agropecuaria Bariloche.
mrlanari@bariloche.inta.gov.ar

La mayor parte de los cuatro millones de caprinos existentes en Argentina se encuentran dentro de sistemas extensivos, en áreas áridas y semiáridas, basándose la producción en poblaciones y razas locales con diferente grado de pureza. El principal producto de estos sistemas es la carne de cabrito produciendo además leche y fibras. La economía predominante es de subsistencia y la incorporación de tecnología es baja o nula. El mejoramiento genético es una tecnología con buena aceptación que ha mostrado un impacto positivo. Habitualmente con la intención de mejorar la eficiencia productiva se ha introducido germoplasma exótico, observándose que los casos exitosos se asocian a una intensificación de los sistemas productivos. La introducción por sí sola no da lugar a los cambios esperados debido a la falta de adaptación del germoplasma al ambiente natural y productivo. Frecuentemente se desplazan poblaciones locales que no han sido debidamente caracterizadas y los esquemas de cruzamiento se desvirtúan en el largo plazo. Existen en el país numerosos ejemplos de tales situaciones con razas como Anglo Nubian y Boer. Como alternativa los programas de mejora genética de razas locales como la Colorada Pampeana y la Criolla Neuquina buscan aprovechar la gran variabilidad genética y fenotípica en características productivas. Se propone un análisis de las condiciones ambientales, socio-económicas y productivas que permitan manejar racional y eficientemente los recursos genéticos locales y exóticos además de lograr la mejora de la producción de estos sistemas.

Simposio: Docencia en genética

Coordinador: Dr. Roque Carrero Valenzuela

LA LICENCIATURA EN GENÉTICA DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE MISIONES: ANÁLISIS RETROSPECTIVO Y PROYECCIONES EN EL ESCENARIO ACTUAL

Pastori M. C.

Departamento de Genética. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones, Pcia. de Misiones. Félix de Azara N° 1552. (3300) Posadas, Misiones, Argentina. citog@fceqyn.unam.edu.ar

A dos años de la creación de la Universidad Nacional de Misiones, en 1975, se creó y comenzó a funcionar la carrera Licenciatura en Genética, en la Provincia de Misiones. Desde sus inicios se pretendió que el perfil del futuro profesional respondiera a la de un graduado con formación general en Genética, atendiendo todas las áreas o campos disciplinares específicos, tanto desde su objeto como de sus métodos de estudio. Es así como en sus inicios se perfilan rápidos y necesarios cambios en la currícula intentando alcanzar el pretendido perfil, el de un profesional e investigador científico. Estas modificaciones se relacionaron con los planes de estudio 1975, 1977, 1981 y 1992, éste actualmente vigente. Si bien se trabajó en cambios curriculares medulares, fue esencial desde sus inicios el mantenimiento de lo que se reconoce como Trabajo Final de Grado, Tesina o Tesis de Grado, consistente en un trabajo de Investigación en Genética o con marcado sesgo en Genética, el que puede desarrollarse en cualquier institución de investigación nacional o extranjera. Es esta Tesis, contemplada en el espacio curricular denominado Planeamiento del Trabajo Científico, la que permite alcanzar el grado de Licenciado/a en Genética al futuro profesional orientando su futuro en una determinada línea de trabajo o bien modificarla a partir de la experiencia realizada. Mediante este trabajo los alumnos tienen la posibilidad de contrastar la formación teórica recibida en el

campo disciplinar, con la práctica y el intercambio con otros grupos de investigación. Se pretende revisar el plan de estudios 1992 tomando como guía los estándares formulados entre los años 2006 y 2008, ajustándolo e incorporando los cambios necesarios para mantener el perfil de los graduados, sosteniendo la formación general básica y específica.

LA RESOLUCIÓN DE PROBLEMAS COMO ESTRATEGIA DIDÁCTICA

Pantuso, Francisco Santos

Genética y Mejoramiento. Dto. De Tecnología, Universidad de Luján. Licenciatura en Genética, Fac. Ciencias Exactas Química y Naturales Universidad de Morón. E-mail: pantuso@speedy.com.ar

El aprendizaje de un sujeto implica siempre un proceso de construcción y reconstrucción de significados. Para que este proceso pueda realizarse es necesario que los contenidos de enseñanza cuenten con significatividad lógica y psicológica, es decir su estructura interna debe corresponderse con el conocimiento científico, y relacionarse con los conocimientos previos del alumno.

Si el aprendizaje se reduce a la mera incorporación, recepción de contenidos, nos encontramos en el campo del aprendizaje por repetición o memorístico. Para que un sujeto-alumno realice un aprendizaje significativo deben poder anclar los nuevos contenidos junto con otros previos, dentro de un modelo mental que los articule y de sentido; cuando esto ocurre, se produce justamente el proceso de construcción de significados.

En la exposición teórica, cobra relevancia el concepto de *organizadores previos* (Ausubel) favoreciendo la construcción de *puentes cognitivos*, que permitan a los estudiantes establecer relaciones sustanciales entre el bagaje de conocimientos anteriores y el contenido nuevo.

De acuerdo a lo propuesto por CONEAU

(2003), y puntualmente para la enseñanza de Genética, el aprendizaje en base a resolución de problemas, como articulación entre aspectos teóricos y prácticos, puede definirse como una experiencia pedagógica que tiene como centro de organización y contenidos a la situación problematizada, por ello la resolución de situaciones problemáticas ocupó un espacio privilegiado en las prácticas.

El objetivo de la asignatura fue favorecer procesos de construcción de aprendizajes significativos, que la red mental de experiencias construidas a partir de la situación mencionada permita establecer conexiones con los problemas de la práctica profesional. Objetivo que se logra solo mediante la activa participación de los estudiantes durante el proceso de resolución.

El futuro profesional requiere desde la formación de grado una fluida y permanente articulación entre la teoría y la práctica, así como también la posibilidad de construir y ampliar modelos mentales, enfrentarse a situaciones novedosas que demanden de la utilización de diversas estrategias y procesos cognitivos para su resolución. La resolución de situaciones problemáticas en el marco del trabajo áulico ofrece una oportunidad para favorecer el desarrollo de estas competencias.

Una situación sólo puede ser concebida como un problema en la medida en que existe un reconocimiento de ella como tal problema, y en la medida en que no dispongamos de procedimientos de tipo automático que nos permitan solucionarla de forma más o menos inmediata, sino que requieren de algún modo un proceso de reflexión o toma de decisiones sobre la secuencia de pasos a seguir.

Las respuestas correctas a los problemas, mediante la utilización de algoritmos no significan necesariamente que se haya apropiado el conocimiento conceptual, es decir puede ocurrir que no se haya comprendido el conocimiento conceptual que subyace en ellos. Es así que existe una “resolución significativa” solo cuando los estudiantes pueden explicar por que realizaron cada paso. Esta significatividad radica no solo en la comprensión del significado y resolución de la situación problemática, sino también en la posi-

bilidad de configurarse dentro de una experiencia de aprendizaje más amplia que le de sentido (aprendizaje contextualizado).

APRENDER Y ENSEÑAR EN ENTORNOS VIRTUALES

Echeverría M. I.,¹ M. L. Echeverría,² J. Ramirez,¹ A. Mampel,¹ D. Marzese,¹ A. L. Vargas¹

¹ Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo.
miecheve@fcm.uncu.edu.ar

² Dirección de Tecnologías de la Información, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo.

La educación actual trasciende la simple transferencia de conocimientos. Busca desarrollar capacidades para producirlos y utilizarlos.

El aprendizaje en entornos virtuales supone por parte del alumno un proceso de reconstrucción personal de contenidos mediada por su estructura cognitiva.

Sin embargo, el solo uso de nuevas tecnologías no genera el desarrollo de nuevos modelos educativos. Es necesario planificar y ejecutar acciones para facilitar el acceso al conocimiento y la tecnología. El alumno debe “aprender a aprender” y para lograrlo es posible recurrir a la mediación de diferentes artefactos tecnológicos.

En 2008, como parte del curso De la Célula al Hombre del primer año de la carrera de Medicina de la U.N.Cuyo, se organizaron actividades virtuales complementarias a la enseñanza presencial tradicional que se venía impartiendo hasta entonces. Dicho curso integra contenidos de Genética y Embriología y forma parte de un curriculum orientado al aprendizaje basado en resolución de problemas.

Para la implementación del proyecto se usó la plataforma virtual de la Universidad. El equipo de trabajo estuvo formado por docentes, tutores y especialistas en tecnologías de la información. Los docentes seleccionaron los contenidos y diseñaron las actividades. Los técnicos recrearon ese material para adecuarlo al entorno virtual específico. Los tutores, por su parte, acompañaron “vir-

tualmente” a los alumnos respondiendo a sus consultas y evaluando las actividades.

Concluyendo: La experiencia, aunque incipiente, contribuyó al desarrollo del trabajo

autónomo y participativo de los alumnos. Por otro lado, introdujo a profesores y tutores en el uso de recursos tecnológicos innovadores como mediadores pedagógicos.

Simposio: **Mejoramiento en camélidos**

Coordinadora: J. Von Thüngen

Simposio: Mejoramiento genético en plantas en el Noroeste Argentino

Problemáticas, desafíos y oportunidades de la mejora genética en especies vegetales de interés en el NOA

Coordinador: Ing. J. Mariotti

APROXIMACIÓN BIOTECNOLÓGICA INTEGRADA PARA UN MANEJO SUSTENTABLE DEL ESTRÉS BIÓTICO EN FRUTILLA (*FRAGARIA X ANANASSA*)

Salazar S. M.,^{1,2} J. C. Díaz Ricci,³ M. E. Arias,⁴ D. S. Kirschbaum,¹ A. P. Castagnaro³

¹ Estación Experimental Agropecuaria Famaillá - INTA, Pcia de Tucumán.

² Cátedra de Horticultura, Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán, Pcia. de Tucumán.

³ Depto. Bioquímica de la Nutrición, Instituto de Química Biológica "Dr Bernabé Bloj", Universidad Nacional de Tucumán, INSIBIO (CONICET-UNT), Pcia. de Tucumán.

⁴ Cátedra de Anatomía Vegetal, Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán, Pcia de Tucumán. ssalazar@correo.inta.gov.ar

En Argentina a partir de 1996 comenzó a funcionar en forma organizada, el Programa Nacional de Mejoramiento Genético de la Frutilla (Pro\Frutilla) a través de una iniciativa interinstitucional (sectores público y privado) e interdisciplinaria (combina el mejoramiento genético convencional con los métodos surgidos de la biotecnología molecular). El objetivo general del Pro\Frutilla es obtener cultivares argentinos adaptados a diversos agro-ecosistemas, principalmente a ambientes subtropicales como el de Lules en Tucumán, con resistencia a estrés de origen biótico que permita evolucionar hacia una agronomía del cultivo lo menos reñida posible con la salud humana y ambiental. Se basa en un esquema de selección recurrente delimitado por tres niveles de domesticación: (i) Poblaciones Comerciales; (ii) Poblaciones Intermedias o Tampones donde se intenta llevar a cabo hibridaciones interespecíficas y (iii) Poblaciones Silvestres, en las

cuales se realizan cruzamientos dentro de cada especie y/o nivel de ploidía. En una primera etapa, se realizaron recolecciones y se estableció un Banco de Germoplasma Activo, constituido por genotipos de especies silvestres (*Fragaria vesca*: $2n=2x=14$; *F. chilensis*: $2n=8x=56$; *Duchesnea indica*: serie poliploide $2n=8x$ y $2n=10x$, con 56 y 70 cromosomas, respectivamente; *Potentilla tucumanensis*: especie diploide descubierta en el marco del Pro\Frutilla en 1999) y de la cultivada *F. x ananassa*. En la actualidad se dispone de genotipos promisorios en etapas avanzadas de evaluación y selección clonal. Se podría decir que el caso del Pro\Frutilla es un claro ejemplo de complementación, interacción, integración y coordinación, entre el mejoramiento genético convencional y la biotecnología molecular, para buscar soluciones sustentables a problemas de estrés biótico asociados a un cultivo de interés comercial, sin perder competitividad agronómica.

PROGRAMA DE GENÉTICA Y MEJORMIENTO DE TOMATE DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE SALTA

Elsa Marta Gilardón, Viviana Broglia, Mariana Pocoví, Graciela Caruso, Carmen Hernández, Cristina Bonomo

Cátedra de Genética. Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta. Salta. Argentina. gilardon@unsa.edu.ar

En las provincias de Salta y Jujuy la producción de tomate fresco se realiza bajo cubierta y a campo en otoño-invierno, y abastece los mercados de las grandes ciudades desde mayo a agosto-setiembre. Los cultivares utilizados en esta región son híbridos de alto rendimiento, en su mayoría de tipo re-

dondo, con excelente forma y tamaño, pero con escaso sabor. En la Facultad de Ciencias Naturales de la Universidad Nacional de Salta se está desarrollando un programa de premejora de tomate que tiene por objetivo obtener líneas de tomate fresco de alta calidad para el consumidor, y ventajosas para el productor y el medio ambiente. Está basado en dos líneas de trabajo: 1) Estudio de la forma de herencia y selección de caracteres de alta calidad de frutos, como "larga vida en estantería", alto contenido de sólidos solubles, grosor de la pared y pigmentación roja más intensa que la del padre cultivado. 2) Estudio de la forma de herencia de la resistencia a dos de las plagas más importantes, como la polilla del tomate (*Tuta absoluta* Meyr.) y la mosca blanca del invernáculo (*Trialeurodes vaporariorum* Westwood) y selección de líneas resistentes a ambas plagas. En la actualidad se cuenta con un grupo de líneas avanzadas que se están evaluando en la zona de producción.

MEJORAMIENTO GENETICO DE CAÑA DE AZÚCAR. LA EXPERIENCIA EN LA CHACRA EXPERIMENTAL AGRICOLA SANTA ROSA, SALTA

Fernández de Ullivarri, R.,¹ M. I. Issa Joya,¹ A. M. Rago,² Y. A. Spedaletti,¹ M. Gómez,¹ G. I. Sierra¹

¹ Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, Pcia. de Salta.

² INTA, EEA Famaillá, Pcia. de Tucumán.

rullivarri@chacraexperimental.org

La domesticación de la caña de azúcar se inició en Nueva Guinea desde donde se distribuyó por Asia y Polinesia. El mejoramiento del cultivo comienza en 1888 en Java, buscando disminuir problemas fitosanitarios a partir de cruza interespecíficas del género *Saccharum*. Los cruzamientos entre *S. officinarum* y *S. spontaneum* y retrocruzas con *S. officinarum*, aportaron las primeras variedades exitosas de mediados del siglo XX. Desde entonces predominaron los cruzamientos entre variedades comerciales o clones avanzados. Los Programas de Mejoramiento Genético (PMG) durante años pro-

porcionaron variedades con mayor contenido de azúcar, satisfaciendo las necesidades agroclimáticas de cada región. La Chacra Experimental Agrícola desarrolla un PMG obteniendo variedades adaptadas al área cañera del Norte Argentino. Se inició como un Programa de selección con semilla externa en 1956, obteniendo semilla propia a partir cruza en 1984. Actualmente el PMG se inicia con 400 cruza biparentales y policruzamientos, que generan anualmente 250.000 a 300.000 plantines que, seleccionados, dan base a cuatro etapas clonales sucesivas desde donde se obtendrán, al cabo de 10 a 12 años, las variedades comerciales. Los principales criterios de selección son contenido de azúcar, peso y número de tallos, precocidad y resistencia a enfermedades, habiéndose incorporado en los últimos años la adaptación a cosecha mecánica y mayor contenido de fibra para producción de papel y energía. Una herramienta que complementa el PMG es la biotecnología que, desde 1998, se focaliza en el desarrollo de variedades genéticamente modificadas tolerantes a herbicidas y resistentes al virus del mosaico. De esta forma el PMG de la Chacra evolucionó hacia un equipo interdisciplinario donde confluyen el mejoramiento, la patología y la biotecnología, para cubrir las oportunidades promisorias del cultivo de la caña de azúcar, fundamentalmente como fuente de biocombustibles, sin dejar de lado los criterios tradicionales.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ESPECIES FORESTALES NATIVAS DE LAS YUNGAS: GÉNERO *CEDRELA*

Grignola, J.,¹ Fornes, L.,¹ Gallo L.²

¹ INTA EEA Famaillá. lfornes@correo.inta.gov.ar

² INTA EEA Bariloche.

La principal fuente de suministro de maderas de calidad en el NOA continúa siendo el bosque nativo. Sin embargo, la extracción no planificada de madera pone en riesgo una valiosa información genética, dado que las grandes áreas deforestadas eliminan para siempre parte del material genético

imprescindible para los programas de mejora, y además tienen consecuencias ambientales con elevados costos económicos, sociales y culturales. Por otra parte, ante las perspectivas cada vez más reales del cambio climático, la plasticidad y adaptación de especies longevas necesita ser tenida en cuenta en toda estrategia de intervención y planificada con mucha amplitud de criterio para asegurar el mantenimiento de las funciones ambientales y productivas de los bosques. El INTA está llevando a cabo un programa de domesticación de especies forestales, donde el material genético es la base de todos los estudios ecofisiológicos y de manejo necesarios para llevar a cultivo estas especies. El género *Cedrela* constituye uno de los recursos madereros de las Yungas de mayor importancia por la calidad de su madera, muy buscada desde la época de la colonia. Se exploró latitudinal y altitudinalmente el área de distribución natural de *Cedrela lilloi*, *C. balansae* y *C. saltensis*, recolectando material para estudios de diversidad genética

y para el establecimiento de una red de ensayos de orígenes y progenies. Los ensayos se instalaron en tres sitios diferentes, en cuanto a condiciones de humedad, temperaturas extremas y presencia de *Hypsipyla grandella*. A los 6 meses de plantación, se observa una mayor adaptabilidad de los materiales de *C. balansae* procedentes de Pintascayo y San Andrés, Salta (>70% sobrevivencia) en los sitios entre los 650 y 1100 m.s.n.m. (Tucumán), mientras que en la zona del umbral al Chaco (340 m.s.n.m.), sobresalen los orígenes de Río Seco (Salta), Calilegua y Yuto/Ledesma (Jujuy) para *C. balansae*. En cuanto a *C. lilloi* y *C. saltensis*, la adaptabilidad es mala en este último sitio y es relativamente buena (entre 55 y 70%) en los sitios de mayor altitud. Resultados posteriores permitirán estimar parámetros genéticos y la interacción genotipo x ambiente para características de plasticidad, productividad y control genético de la resistencia a la plaga de los materiales genéticos ensayados.

Simposio: **Genética y discapacidad**

Coordinadora: Dra. Mirta Abdala

REFLEXIONES DE UN GENETISTA CLINICO ACERCA DE SU PRACTICA COTIDIANA EN EL AMBITO DE UN HOSPITAL PEDIATRICO DE LA CIUDAD DE BUENOS AIRES

Catalina Patricia Kaminker

Especialista en Genética Médica. Sección de Genética del Hospital General de Niños "Pedro de Elizalde" (HGNPE).

La Genética Médica (GM) ha cobrado un desarrollo exponencial en los últimos tiempos, siendo el campo de la Pediatría una de las áreas de mayor impacto en referencia a estos avances, generándose así la posibilidad de diagnósticos más certeros, asesoramiento genético oportuno, orientación eficiente del paciente y su familia y mejores estrategias en los diferentes niveles de prevención.

El HGNPE es un hospital con un nivel de complejidad entre mediana y alta, que en el año 2008 totalizó 9381 egresos, de los cuales alrededor del 70 % refieren a pacientes provenientes del conurbano y de los cuales sólo un 20 % posee algún tipo de cobertura social.

La Sección de Genética consta de un área de atención de Genética Clínica con dos especialistas en Genética Médica, un pediatra orientado al seguimiento de pacientes con trastornos genéticos y desde Julio de 2009 un área de Citogenética con un citogenetista.

Esta sección ha contabilizado durante el año 2008 un total de 1800 consultas, correspondiendo el 53% a consultas de primera vez, siendo las causas más frecuentes de derivación (alrededor del 60%) las anomalías morfológicas, discapacidad intelectual (DI) o retardo en la adquisición de las pautas de desarrollo madurativo. Por lo tanto deben abordarse cotidianamente las complejas situaciones y dificultarse implicadas en el manejo y soporte asistencial del paciente con grados variables de discapacidad física y/o mental.

La mayoría de los pacientes son derivados de consultorios de atención primaria del mismo hospital y, considerando que ya en el año 1976 se estimaba que no menos del 30% de los diagnósticos de egreso de los hospitales pediátricos de referencia respondía a causa total o parcialmente genética, es altamente probable que aún persista un sub-registro en la detección de estos trastornos, con la consecuente falta de derivación y pérdida de la valiosa oportunidad de una detección temprana de los mismos.

Con respecto a la atención actual de la demanda, si bien pueden efectuarse, sin mayores inconvenientes, los primeros pasos del abordaje clínico- genético, y elaborar así, una estrategia de diagnóstico acorde al caso, a menudo este proceso se encuentra demorado (o directamente impedido) por las dificultades en acceder a los estudios requeridos acorde al nivel de complejidad actual necesario para su adecuada integración diagnóstica.

Así, por ejemplo, para efectuar el algoritmo completo para la evaluación de un caso con DI, pueden hoy llegar a requerirse distintos tipos de estudio, tales como:

Cariotipo Bandedo (4-34 %)*; Cariotipo Bandedo con Alta Resolución (3.7 %); FISH; PCR y/o Southern Blot para Fragilidad del X (1-4% de varones con DI); FISH Subtelomérico (7-10%); CGH o Hibridización Genómica Comparativa (14-20%); MLPA; Estudios moleculares específicos para enfermedades monogénicas.

*(Entre paréntesis se observa el porcentaje de resolución diagnóstica sobre casos de DI para algunas de las técnicas citadas).

Frente a estos desafíos deben continuarse en nuestro país los esfuerzos para dotar al sistema público de salud de los recursos que provienen de la GM actual, para permitir así el abordaje integrado que las problemáticas de estos pacientes y sus familias requieren.

Simposio: Mejoramiento genético en soja
Mejoramiento genético del cultivo de la soja. Perspectivas futuras
Coordinador: Ing. Mario Devani

Simposio: Terapia génica

Coordinadora: Dra. I. Szijan

TERAPIA GÉNICA ANTITUMORAL: USO DE ADENOVIRUS ONCOLÍTICOS EN CÁNCER COLORRECTAL

Dra. Cafferatta

A pesar de los enormes avances observados en la comprensión de los mecanismos moleculares del cáncer, el tratamiento de la enfermedad avanzada continúa siendo aun hoy un emprendimiento de dimensiones formidables.

La terapia génica aparece entonces como una estrategia novedosa consistente en la transferencia al tumor de genes terapéuticos mediante el uso de vectores no virales y virales. Los más de 500 ensayos clínicos en cáncer que involucraron a más de 3000 pacientes, de los cuales un 25 % utilizó adenovirus no replicativo como vector, demostraron un altísimo nivel de bioseguridad aunque con una relativa eficacia terapéutica. Esto llevó a centrar los estudios del área en tres aspectos comunes a tratamientos convencionales, a saber: aumento de la potencia, del tropismo y de la especificidad. Los vectores oncolíticos adenovirales de replicación condicional (en inglés: CRAd), están contruidos de modo tal que su replicación depende de la regulación de la expresión de la proteína E1A por medio de un promotor específico de tumor. Para aumentar su potencia, estos promotores pueden a su vez incluir motivos de respuesta a entornos tumorales como hipoxia. El aumento de tropismo puede lograrse mediante el pseudotipeado de la cápside viral, modificando la fibra externa, incorporando ligandos para receptores alternativos o generando puentes mediante el uso de “diabodies”. Finalmente, la especificidad de replicación puede lograrse mediante la mutación de la proteína E1A para que la misma sea incapaz de unir pRb y p300.

Para el caso particular de cáncer colorrectal (la cuarta causa de muerte por tumo-

res malignos en la Argentina) donde aproximadamente el 50% de los pacientes desarrolla recurrencia dentro de los 5 años. En la mayoría de estos casos el cáncer se convierte en una enfermedad crónica con una expectativa de vida de aproximadamente 5 años. Además, los estadios más avanzados de la enfermedad presentan metástasis en pulmón, hígado, ovario y hueso. Los pacientes suelen no responder a las terapias, en particular a la terapia radiante, y menos del 20% responde parcialmente a drogas quimioterapéuticas como el 5 fluorouracilo. En general la falta de respuesta a los tratamientos convencionales ha llevado a que actualmente existan más de 100 ensayos clínicos en ejecución destinados al tratamiento de la enfermedad, siendo la terapia génica una estrategia relevante para el tratamiento del cáncer en general. Esto se sustenta en los numerosos trabajos preclínicos y ensayos clínicos relacionados con cáncer, aunque llamativamente sólo unos pocos de estos ensayos clínicos incluyen este tipo de terapia en cáncer colorrectal o metástasis hepáticas a partir de cáncer colorrectal. El 95% de los tumores primarios y metástasis colorrectales humanos tienen una expresión elevada del antígeno A33, una glicoproteína de membrana que pertenece a la superfamilia de las inmunoglobulinas. Se ha comprobado que una región 5' del promotor de A33 humano, de aproximadamente 500 pb, fue suficiente para alcanzar la producción endógena de A33. La alta especificidad de expresión del antígeno A33 en tumores colorrectales presenta una gran oportunidad para desarrollar una terapia dirigida a pacientes con tumores gastrointestinales.

TERAPIA GÉNICA CON OLIGONUCLEÓTIDOS ANTISENTIDO PARA LA DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE

Dra. Verónica Ferreiro

La severa distrofia muscular de Duchene (DMD) y la mas liviana de Becker (DMB) son enfermedades alélicas caracterizadas por la degeneración muscular. La DMD afecta a 1 en 3.500 varones nacidos vivos, en cambio la DMB es menos frecuente. Ambas son causadas por mutaciones en el gen de la distrofina. Cerca de dos tercios de los pacientes muestran delecciones intragénicas que comprenden uno o varios exones del gen, los restantes casos son producidos por duplicaciones o microrearranglos. La regla del marco de lectura puede explicar como las mutaciones en el mismo gen producen dos fenotipos diferentes. La progresión clínica puede predecirse en base a si las mutaciones alteran o no el marco de lectura del gen de la distrofina. Esta hipótesis se cumple en aproximadamente el 92% de los casos, pero ocurren excepciones. La oportunidad de transformar el fenotipo severo DMD en otro mas liviano de DMB es una potencial estrategia de la nueva terapéutica basada en el desarrollo de la tecnología de oligonucleótidos antisentido. El objetivo es inducir un salteo de exones a nivel de mRNA para restaurar el marco de lectura correcto. Tales salteos de exones existen en los pacientes y explicarían las excepciones a la regla del marco de lectura. Los resultados del estudio de una familia con DMB en nuestro laboratorio apoyan las predicciones previas de que el intervalo de exones 45-55 es un blanco óptimo para el salteo de exones tendiente a transformar la distrofia severa de DMD en una forma mas liviana o aún asintomática. Esta estrategia podría aplicarse a mas de un 45% de los pacientes con DMD, cuyas delecciones están dentro de la zona blanco (exones 45-55) afectando el marco de lectura, para aliviar sus síntomas o aún hacerlos desaparecer.

TERAPIAS POSIBLES EN LIPOFUSCINOSIS CEROIDEAS NEURONALES

Prof. Dra. Inés Noher de Halac

Centro de Estudio de las Metabolopatías Congénitas-CEMECO, cátedra de Clínica Pediátrica, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba y Hospital de Niños de Córdoba. Ferrovianos 1250-5014 Córdoba.

nclcemeco@nclcemeco.com.ar

Las Lipofuscinosis Ceroideas Neuronales (LCNs) son enfermedades neurodegenerativas de atesoramiento lisosomal de herencia generalmente recesiva (excepto un tipo dominante). Constituyen el grupo más común de encefalopatías progresivas de la niñez, con fenotipos que presentan edades de inicio perinatal, en la lactancia, la edad infantil, juvenil y adulta. Las formas infantiles y juveniles se caracterizan clínicamente por la pérdida progresiva de visión y de las adquisiciones cognitivas y motoras, convulsiones epilépticas y muerte prematura, mientras que en las raras formas adultas se destaca la demencia. Todas las formas de LCNs comparten como características pato-morfológicas la presencia de citosomas con materiales autofluorescentes, Sudán Black B y ácido periódico-Schiff positivos, resistentes a los solventes de lípidos. El citoplasma de la mayoría de las células nerviosas, así como de las células de los tejidos periféricos piel, sangre, retina, conjuntiva y músculo muestra cuerpos osmiofílicos de morfología variada al microscopio electrónico. En el sistema nervioso central se producen cambios a nivel del tronco cerebral, degeneración selectiva y pérdida neuronal progresiva. Durante mucho tiempo, las LCNs fueron agrupadas junto a las "idiocías amauroticas familiares" y conceptualizadas como lipodosis. Sin embargo, entre fines de los años 1980 y en los 1990 se demostraron en los citosomas de almacenamiento dos proteínas hidrofóbicas: la subunidad c de la proteína ATPasa mitocondrial y las sintetas activadoras de esfingolípidos A y D. Ocho genes causales se identificaron desde 1995 en las formas humanas y animales, con más de 250 mutaciones y 40 polimorfismos

registrados en una base de datos internacional (<http://www.ucl.ac.uk/ncl>). Los pacientes argentinos y, parcialmente los de otros países de América del Sur, se diagnostican desde el año 2003 siguiendo un algoritmo que incluye los estudios clínicos, bioquímicos, morfológicos y la pesquisa molecular del DNA en concordancia con los consensos internacionales.

El tratamiento de patologías de atesoramiento lisosomal que afectan el sistema nervioso central (SNC) es uno de los mayores desafíos terapéuticos. Históricamente varias terapias de reemplazo enzimático se han propuesto por su capacidad de incidir sobre la progresión de enfermedades lisosomales pero sin pasar la barrera hematoencefálica para mejorar la afectación del SNC. Se están llevando a cabo estrategias para atravesar la barrera hematoencefálica mediante la trans-

ferencia directa al SNC de genes mediados por virus adeno-asociados (AAV). Por otra parte, las LCNs son las primeras patologías con ensayos clínicos autorizados en los EEUU permitiendo el uso de células madres neurales humanas. Algunos tratamientos conllevan mejoras de menor importancia, pero aún ninguno ha podido detener la progresión de la enfermedad o al menos mejorar la calidad o la duración de la vida. En esta presentación se muestra la necesidad de un enfoque integral de estas patologías, que va desde la evolución histórica del concepto de LCNs a los resultados bioquímicos, moleculares y la patogénesis de estos desórdenes devastadores del cerebro, como base de la discusión de las terapias que están siendo evaluadas en la actualidad y de las posibilidades futuras para el tratamiento de pacientes.

Simposio: Evolución

Coordinador: E. Hasson

DARWIN, PATAGONIA, Y CONCEPTOS DARWINIANOS EN LA BIOLOGÍA EVOLUTIVA ACTUAL

Rolando González-José

Unidad de Diversidad, Sistemática y Evolución. Centro Nacional Patagónico. CONICET. Bvd. Brown 2915. U9120ACF Puerto Madryn, Argentina.
rolando@cenpat.edu.ar

El joven naturalista que embarcó en el Beagle en 1831 presentaba un puñado de inquietudes acerca de la entidad y dinámica de las formas vivas. Al momento de zarpar, esas inquietudes no eran lo suficientemente sólidas como para perturbar su visión del mundo natural, que no era otra que el Creacionismo Victoriano. No obstante, la observación de formas actuales y fósiles en el paso del Beagle por Patagonia desencadenó un proceso de evolución intelectual en el joven Charles Darwin que ya sería del todo irreversible. En especial, su observación en la distribución de las dos especies de ñandú de Pampa-Patagonia, así como la discontinuidad cronológica entre la mara y sus (en esa época) putativas especies emparentadas extintas de Monte Hermoso, lo forzaron a convencerse de la transmutabilidad (e.g. evolución) de las especies. A través del último siglo y medio, el Darwinismo también transmutó en lo que refiere a la transmisión del material hereditario, la unidad de variación, el origen de la variación, el objetivo de la selección, y la unidad de la evolución. El Darwinismo de Darwin, el neo-Darwinismo de Weissman, la Síntesis Moderna, y el neo-Darwinismo del Gen Egoísta han tenido enfoques diversos en cuanto a esos conceptos. Sin embargo, algunas nociones vertidas por el mismo Darwin siguen siendo centrales en Biología Evolutiva. En esta presentación se discutirá con ejemplos concretos cómo el concepto de correlación de caracteres tiene implicancias que alcanzan a los trabajos

actuales en biología del desarrollo, los estudios de integración morfológica, y la reconstrucción filogenética.

LA RECONSTRUCCIÓN FILOGENÉTICA Y EL DESAFÍO DE LOS CARACTERES MOLECULARES

Confalonieri V. A.

Grupo de Investigación en Filogenias Moleculares y Filogeografía (GIFF), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, Universidad de Buenos Aires. bibilu@ege.fcen.uba.ar

El desafío de los biólogos evolutivos que intentan reconstruir relaciones genealógicas es la de buscar caracteres en los que perdure suficiente señal filogenética como para lograrlo. En este sentido, Darwin expresaba: "...No tenemos ni pedigríes ni escudos de armas, solo tenemos que descubrir y rastrear nuestras genealogías naturales a través de cualquier carácter que se haya heredado durante mucho tiempo...". El ADN ha sido el elegido en esta búsqueda, y su uso en filogenias moleculares ha tenido un crecimiento abrumador. Sin embargo los caracteres del ADN presentan dos problemas fundamentales: la falta de resolución en ramas profundas del árbol de la vida, y la incongruencia entre árboles de genes y de especies. Las causas que producen incongruencias pueden ser muchas, como la atracción de ramas largas, paralelismos y convergencias, "hits múltiples", el reparto de alelos entre linajes, los genes parálogos y el incorrecto establecimiento de homologías primarias.

La revolución genómica de los últimos años ha provisto de nuevos caracteres que evitarían estos problemas, y también ha provisto de datos de muchísimos más genes por organismo, que en su conjunto darían suficiente señal filogenética como para recuperar árboles de genes que sean consistentes con árboles de especies. Esta es la llamada

reconstrucción filogenómica, que incluye métodos basados en alineamiento de secuencias, y métodos basados en caracteres de los genomas enteros. Se discuten ambos métodos, y se ilustran algunos ejemplos en donde la filogenómica ha brindado respuestas a antiguos interrogantes sobre relaciones evolutivas, sobre todo a nivel de categorías taxonómicas superiores.

APORTES DEL MODELO DE *DROSOPHILA* A LA TEORÍA DE LA SELECCIÓN NATURAL

Julián Mensch

Laboratorio de Evolución. Departamento de Ecología, Genética & Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.

jmensch@ege.fcen.uba.ar

El corazón la propuesta darwinista postula a la selección natural como el mecanismo natural que puede explicar las diferencias entre especies. El planteo que Darwin inició y que sostiene la biología evolutiva moderna, es que la evolución adaptativa es un proceso en dos pasos: primero la presencia de variación entre individuos originada

por mutación de manera aleatoria y después cambios transgeneracionales en la proporción de las diferentes variantes de acuerdo al éxito reproductivo diferencial de las mismas. Como toda teoría científica, la Teoría de la Selección Natural es una propuesta que se encuentra en constante construcción y enriquecimiento, y sin lugar a duda constituye una de las ideas más influyentes en las ciencias naturales. Un salto cualitativo en el fortalecimiento de la Teoría, fue su sustento genético en relación a los mecanismos de la herencia. En este sentido, a partir de este hito que tuvo lugar en las primeras décadas del siglo XX y hasta nuestros días, la Teoría de la Selección Natural ha recibido numerosos aportes de los estudios genéticos realizados en el modelo de *Drosophila*. En este trabajo se presentarán ejemplos concretos que darán cuenta de la enorme contribución de las investigaciones con las moscas de la fruta a la Teoría de la Selección Natural. Los mismos mostrarán cómo a través de diferentes patrones de variación genética natural podemos evidenciar el mecanismo con el cual Darwin revolucionó a la biología.



SOCIEDAD ARGENTINA
DE GENÉTICA



Fundación Miguel Lillo
TUCUMÁN - ARGENTINA

Taller

Taller: Porfirias y porfirinas

Coordinadores: Dres. V. Parera y V. Rossetti

BIOQUÍMICA, CLÍNICA, ETIOPATOGENIA Y TRATAMIENTO DE LAS PORFIRIAS

Parera V. E.

Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP) CONICET, Hospital de Clínicas-UBA. Departamento de Química Biológica, FCEyN-UBA.

Las Porfirias son enfermedades metabólicas que surgen como consecuencia de una deficiencia, hereditaria o adquirida, de una de las enzimas del camino biosintético del hemo. El producto final de este camino ejerce un efecto feedback negativo sobre la primera enzima, la δ -aminolevulíco sintetasa (ALA-S) regulando así su propia síntesis. En las Porfirias la deficiencia parcial primaria de una de las enzimas de esta vía metabólica conduce a una síntesis reducida de hemo que lleva a la desregulación del ALA-S y a la acumulación de los intermediarios del camino: ALA y Porfobilinógeno (PBG) responsables del síndrome neuroabdominal característico de las Porfirias Agudas y porfirinas responsables de la fotosensibilidad cutánea característica de las Porfirias Cutáneas. Existen ocho tipos de Porfirias que se clasifican en Hepáticas o Eritropoyéticas según el lugar principal de manifestación de la falla enzimática o en Agudas y Cutáneas dependiendo del síntoma clínico prevalente. Las Porfirias se desencadenan por exposición a factores porfirinogénicos (alcohol, hormonas, barbitúricos, anestésicos), así no todos los portadores de la falla enzimática manifiestan la enfermedad.

Las porfirias cutáneas, Porfiria Cutánea Tarda (PCT), Protoporfiria Eritropoyética (PPE), Porfiria Congénita Eritropoyética (PCE) y Porfiria Hepatoeritropoyética (PHE), se caracterizan por intensa fotosensibilización por acumulación de porfirinas en plasma. Las porfirias agudas, Porfiria Aguda Intermitente (PAI) y Nueva Porfiria Aguda (NPA), se caracterizan por ataques agudos

con síndrome neuroabdominal asociados a elevada producción y excreción de ALA y PBG. En la Porfiria Variegata (PV) y la Coproporfiria Hereditaria (CPH), pueden acumularse porfirinas y precursores, clasificándose las como porfirias mixtas. A efectos del diagnóstico diferencial, tratamiento específico y seguimiento de los pacientes porfíricos, es fundamental la realización de los estudios bioquímicos completos, tanto en los pacientes sintomáticos como en sus familiares consanguíneos.

En la Argentina las Porfirias prevalentes son, dentro de las porfirias agudas, la PAI y la PV y, dentro de las porfirias cutáneas, la PCT y la PPE. Con una frecuencia menor se encuentran también casos de CPH y PCE. Dado que las porfirias son enfermedades poco frecuentes, es aún más raro encontrar familias o individuos portadores de dos tipos de Porfiria.

En el CIPYP hemos diagnosticado 4 familias con Porfiria dual: 2 PAI/PCT, 1 PV/PCT y 1 PAI/PCE. Diagnosticamos 1437 pacientes PCT de los cuales 141 están infectados con HIV, 156 familias con PAI, 60 con PV, 36 con PPE, 17 con CPH, 5 con PCE y 1 familia con PHE.

El diagnóstico bioquímico diferencial de porfiria es fundamental para establecer el tratamiento correcto para cada paciente y poder realizar el estudio genético familiar.

GENÉTICA DE LAS PORFIRIAS

Rossetti M. V.

Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP) CONICET, Hospital de Clínicas-UBA. Departamento de Química Biológica, FCEyN-UBA.

Las Porfirias se producen por mutaciones en los genes que codifican las enzimas del metabolismo del hemo. Son enfermedades raras y dada la inespecificidad de su sintomatología en muchos casos no se llega a su

diagnóstico o se la confunde con otras patologías. Sin embargo, una vez que se sospecha una Porfiria, su diagnóstico en los individuos sintomáticos es relativamente simple y seguro mediante los estudios bioquímicos que permiten determinar qué intermediarios del camino el Hemo están aumentados en plasma, orina y/o materia fecal. No obstante, en remisión, estos valores son menos específicos y sensibles para su detección. En estos casos y fundamentalmente en los portadores asintomáticos (75-80%), los estudios genéticos son la única forma de llegar a un diagnóstico seguro.

Una característica común a todas las Porfirias es su baja penetrancia. Son muy raros los casos de homocigotas ó dobles heterocigotas descriptos los cuales se presentan en general en la niñez y con un fenotipo clínico más severo como consecuencia de una actividad enzimática sustancialmente menor y de los efectos de la insuficiencia de Hemo y/o toxicidad de los intermediarios acumulados.

Las Porfirias son desórdenes genéticamente heterogéneos y se han descripto un gran número de mutaciones diferentes en los genes que codifican las enzimas deficientes en cada una de ellas. La mayoría está restringida a unas pocas familias aunque algunas se han distribuído ampliamente en una población discreta generalmente debido a un efecto fundador.

Son desórdenes autosómico dominantes. La herencia de una copia de estas mutaciones disminuye la actividad enzimática en aproximadamente un 50% y la cantidad de hemo sintetizado es suficiente para un funcionamiento normal del metabolismo celular. La presentación clínica parecería entonces requerir de factores adicionales que afecten la biosíntesis del Hemo ya sea aumentando su demanda, produciendo una disminución adicional de la actividad enzimática ó por una combinación de ambos factores. Ese descenso adicional en la actividad enzimática podría ser el resultado de una inhibición directa órgano-específica de la enzima ó provocado por algún factor genético que afecte la eficiencia de la transcripción y/o traducción del alelo en trans como se ha descripto

para la PPE en la cual la presencia de polimorfismos juega un rol fundamental en su manifestación. Por otro lado, cuando el individuo se expone a factores (drogas, hormonas, estrés, ayuno) que disminuyen aún más el *pool* de Hemo libre el nivel de derepresión del ALA-S aumenta produciendo una mayor inducción de su actividad y síntesis.

Todas las Porfirias son desórdenes hereditarios excepto la Porfiria Cutánea Tardía (PCT) que puede presentarse además en una forma adquirida.

En 67 familias con Porfiria Aguda Intermitente, hallamos 15 mutaciones nuevas, 13 descriptas y la p.G111R en 36 familias (52%). En 29 familias con Porfiria Cutánea Tardía detectamos 14 mutaciones nuevas, 6 publicadas y la mutación g10insA en 9 familias (41%). En 31 familias con Porfiria Variegata, 12 tenían mutaciones nuevas, 6 descriptas y 13 portaban la mutación c.1043insT (42%). En 13 familias con Protoporfiria Eritropoyética identificamos 7 mutaciones nuevas y 5 publicadas. En 4 familias con Coproporfiria Hereditaria detectamos 4 mutaciones nuevas. En 1 familia con Porfiria Hepatoeritropoyética encontramos 2 mutaciones descriptas. Se identificaron 130 portadores latentes.

Las técnicas moleculares utilizadas para la detección la mutación responsable de la Porfiria permiten llevar a cabo el diagnóstico presintomático con absoluta certeza y asesorar a los portadores de la falla enzimática a fin de prevenir el contacto con los agentes desencadenantes y consecuente manifestación de la enfermedad de la enfermedad.

DISTRIBUCION DE LAS PORFIRIAS EN ARGENTINA

Melito V. A.

Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP) CONICET, Hospital de Clínicas-UBA. Departamento de Química Biológica, FCEyN-UBA.

Si bien las Porfirias son patologías poco frecuentes en el CIPYP han sido diagnosticados 1450 casos de Porfiria Cutánea Tardía (PCT), de los cuales el 25% corresponden a

PCThereditaria, y otras 42 familias de las restantes Porfirias Cutáneas. Se han detectado también 233 familias con Porfirias Agudas.

Dentro del grupo de Porfirias Agudas la más frecuente es la Porfiria Aguda Intermittente (PAI) con 156 familias, le sigue la Porfiria Variegata (PV) con 60 y finalmente las familias con Coproporfiria Hereditaria (CPH) que ascienden a 17.

Observando la distribución dentro del país encontramos 16 familias en el noroeste (Salta, Tucumán y Jujuy) que incluyen un caso de Porfiria Dual PAI-PCT. En esta región las 7 familias aparentemente no relacionadas estudiadas genéticamente presentan la mutación más frecuente en Argentina, G111R. En la provincia de Santa Fe se han detectado 9 familias y 7 en Río Negro, 2 de las cuales se estudiaron molecularmente encontrándose las mutaciones IVS7344+1 y G111R.

De las 60 familias diagnosticadas con PV, 37 son originarias de la Provincia de Buenos Aires, 6 corresponden al interior de la Provincia y se han estudiado genéticamente 1 de Bahía Blanca y 1 de Chascomús. Se han diagnosticado familias portadoras de PV en otras 7 provincias distribuidas al azar (Jujuy, Córdoba, Mendoza, Santa Fe, Corrientes, Santa Cruz y Tierra del Fuego)

De las 17 familias com CPH, 4 fueron analizadas genéticamente encontrándose que cada una presenta una mutación diferente aún no descriptas. Se encuentran distribuidas principalmente en la parte septentrional del

país, abarcando la Provincia de Buenos Aires, (9 familias), Jujuy, Formosa, Santa Fe (3 familias), San Luis, Córdoba y Santa Cruz.

Entre las Porfirias Cutáneas se han estudiado genéticamente 29 familias PCT. La distribución de esta Porfiria es amplia, pero mas del 50% de los casos corresponden a la Provincia de Buenos Aires, encontrándose un caso de Porfiria Dual, PCT-PV además del anteriormente mencionado de PCT-PAI. La mutación prevalente es la g10insa con el 41% de los casos.

La segunda Porfiria Cutánea más distribuida es la PPE con un total de 36 familias de las cuales se estudiaron las mutaciones en 13 de ellas, observándose que solo 3 portan la misma mutación.

En la única familia diagnosticada con PHE, provenientes de la ciudad de Mar del Plata, se identificaron las dos mutaciones responsables de la Porfiria.

De los 6 casos que corresponden a 5 familias con PCE, 3 son de la Provincia de Buenos Aires, 1 de Corrientes y 2 hermanos de Salta; han sido estudiadas genéticamente 3 familias.

De acuerdo con lo expuesto anteriormente se hace evidente la necesidad de la difusión de estos desórdenes del metabolismo del hemo a nivel de Centros de Salud, principalmente en el interior del país, para poder diagnosticar, tratar y asesorar a la mayor cantidad posible de pacientes portadores de alguna de las 8 Porfirias descriptas



SOCIEDAD ARGENTINA
DE GENÉTICA



Fundación Miguel Lillo
TUCUMÁN - ARGENTINA

Comunicaciones libres

Comunicaciones libres: Genética y mejoramiento vegetal

GMV 1

HEREDABILIDAD DE LA FECHA DE FLORACIÓN EN FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE RAIGRÁS ANUAL EVALUADAS EN DOS AMBIENTES

Ré A. E.,¹ M. S. Monteverde,¹ M. Acuña,² I. Varea,² A. Andrés,² J. P. De Battista¹

¹ EEA INTA C. Del Uruguay.

² EEA INTA Pergamino. alejore@concepcion.inta.gov.ar

El raigrás anual (*Lolium multiflorum* Lam.) es una forrajera muy difundida en los sistemas ganaderos dada su excelente calidad y producción de forraje invernal. El desarrollo de cultivares con distinta fecha de floración es habitual en los programas de mejoramiento de la especie. El objetivo del presente trabajo fue estimar la heredabilidad en base a medias de familia (h_{PFM}^2) de la fecha de floración en dos grupos de familias de medios hermanos (HS) de distinta precocidad en dos ambientes (Concepción de Uruguay y Pergamino). Se evaluaron 50HS de floración temprana (E) y 50HS de floración tardía (L) en 2 ambientes en un DBCA ($r=3$), considerándose como fecha de floración a los días transcurridos entre el 20 de agosto y la aparición de la primer espiga. Para cada grupo se realizó un ANOVA a partir del cual se estimaron las componentes de varianza, h_{PFM}^2 y se realizaron pronósticos de progreso genético por selección. Los valores estimados de h_{PFM}^2 fueron de 0,24 (E) y de 0,59 (L), evidenciando menor variabilidad dentro del grupo de HS de floración temprana (E) asociado a un mayor aporte de la varianza de la interacción familia x localidad. Los resultados obtenidos indican la posibilidad de obtener progresos por selección en ambos grupos de precocidad.

GMV 2

EVALUACIÓN QUÍMICA Y AGRONÓMICA DE NUEVO GERMOPLASMA DE MAÍZ PARA USOS ESPECIALES

Corcuera V. R.,¹ E. M. Salmoral,² M. Kandus,³ J. C. Salerno³

¹ Com. Inv. Cient. Pcia. Bs. As.

vrcorcuera@yahoo.com.ar

² GIB-FI-UBA, 3.Inst. de Genética "E.A. Favret", INTA-Castelar.

Se analizó el comportamiento de diez híbridos simples de maíz ceroso (*wx*), de alta calidad proteica (*o2*) y con almidón y proteína modificada (*wxo2*) durante dos campañas consecutivas (2007 a 2009) en Castelar (Prov. Bs. As.) a través de un DBCA con 3 repeticiones. Estos materiales son portadores de genes que al modificar sustancialmente la composición del endosperma permiten su utilización en aplicaciones de alimentación e industriales especiales. Los híbridos comerciales ACA2000 y ACA929 fueron utilizados como testigos. La evaluación se realizó considerando los siguientes descriptores= días a panojamiento y floración femenina (R_1); tiempo térmico a R_1 ; contenido % de aceite, proteína y almidón en el grano y rendimiento de granos/planta. Los híbridos expresaron ciclo corto a R_1 ($\alpha=54,5-60,5$ días; $657,5-748,7$ °C) y se diferenciaban significativamente de los testigos de ciclo completo. Por su nivel de precocidad los genotipos ensayados corresponden a las clases FAO 100 y 200. En todos los casos el rendimiento de planta individual de los híbridos fue inferior al de los testigos. Los nuevos híbridos tienen mayor porcentaje proteico que los testigos (11.5% vs. 10.8% respectivamente; $p \leq 0.01$). Algunos genotipos poseen un contenido de aceite y almidón similar o superior al de los testigos si bien no se encontraron diferencias estadísticas significativas al comparar las medias de ambos grupos

(5.1% aceite híbridos vs. 5.5% aceite testigos y 70.6% almidón híbridos vs. 70.4 % almidón testigos). El ANOVA permitió detectar diferencias significativas entre genotipos, años y la interacción genotipo x año para los descriptores estudiados.

GMV 3

EXPRESIÓN DEL TRANSGEN *SARK-ipt EN ALFALFA PARA RETRASAR LA SENESCENCIA FOLIAR*

Beltrán V. M.,¹ E. M. Pagano,¹ M. C. Gómez,¹ R. D. Ríos,¹ E. Blumwald,² F. Ardila¹

¹ Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Castelar, Argentina.

² Department of Plant Sciences, University of California, Davis. vbeltran@correo.inta.gov.ar

La senescencia es el proceso de envejecimiento normal de las células que resulta en la muerte de las mismas. Se ha observado que este proceso está asociado con niveles decrecientes de citoquininas, naturalmente presentes en las plantas como reguladores del crecimiento y desarrollo. El gen *ipt* codifica para una enzima clave de la producción de citoquininas cuya expresión decae conforme avanza el proceso de senescencia. El mantenimiento de niveles adecuados de expresión de este gen podría sostener la producción de citoquininas retrasando, entonces, la senescencia y como consecuencia, promoviendo tolerancia a estreses abióticos. El promotor inducible SARK (Receptor Kinasa Asociado a la Senescencia) podría ser un candidato para manipular la producción de citoquininas durante la senescencia foliar. El objetivo de este trabajo fue obtener plantas transgénicas de alfalfa mediante la incorporación de la construcción *SARK-ipt* para evaluar en ellas la dinámica de senescencia y su tolerancia a estrés. Para ello, se realizaron transformaciones genéticas vía *Agrobacterium tumefaciens* de pecíolos de dos clones de alfalfa. El análisis molecular de las plantas se realizó mediante las técnicas de PCR y RT-PCR que permiten determinar la presencia y expresión del transgén, respectivamente. Se obtuvieron 30 eventos transgénicos

y se regeneraron 71 plantas que demostraron contener el transgén de interés y el gen marcador seleccionable. A la fecha, fue confirmada la expresión en 24 eventos y estos materiales se están actualmente multiplicando para realizar evaluaciones de la senescencia foliar.

GMV 4

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE CULTIVARES DE YERBA MATE (*ILEX PARAGUARIENSIS* A. ST.-HIL.) MEDIANTE MARCADORES AFLPS

Etchart V. J.,¹ A. C. Pereyra,² SD Prat Kricun,² D. G. Díaz¹

¹ Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Castelar, Argentina.

² EEA-INTA Cerro Azul, Misiones, Argentina. vetchart@cniia.inta.gov.ar

La yerba mate (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.) es una planta de la familia *Aquifoliaceae*, nativa de Sudamérica. Su área de dispersión natural abarca el sur de Brasil, este de Paraguay y noreste de Argentina, siendo este último el primer productor y consumidor mundial. La producción se desarrolla principalmente en las provincias de Misiones y Corrientes, la mayor parte de la misma se destina al consumo interno. En la EEA INTA Cerro Azul se ha desarrollado un programa de mejoramiento genético, cuyo objetivo es la selección y difusión de cultivares comerciales. Dichos materiales se caracterizan comúnmente a través de sus características morfológicas, fisiológicas y agronómicas. En este trabajo se propone complementar dicha caracterización mediante marcadores moleculares de tipo AFLPs, lo que permite obtener un patrón de identidad genética de los materiales y conocer la variabilidad presente entre los mismos. Con tal objetivo, se evaluaron 14 cultivares de yerba mate mediante 15 combinaciones de oligonucleótidos de AFLPs (*EcoRI/ MseI*). Se obtuvo un total de 574 fragmentos, de los cuales 296 (51.6 %) fueron polimórficos. El número de fragmentos amplificados por combinación varió entre 17 y 56. Con los patrones moleculares

obtenidos y utilizando el programa NTSYS, se generó una matriz de similitud empleando el coeficiente de Jaccard y un análisis de agrupamiento UPGMA. Posteriormente se construyó un dendrograma para representar las similitudes estimadas entre los materiales, los cuales se agruparon con valores de similitud entre 0,69 y 0,87. Estos resultados permitieron la identificación molecular mediante marcadores AFLPs de los cultivares estudiados, complementando así su caracterización.

GMV 5

CARACTERIZACION DE FAMILIAS DE TREBOL ROJO POR VIGOR DE CRECIMIENTO INICIAL

Varea I.,¹ M. Acuña,² O. Scheneiter,² A. Andres²

¹ Secyt-PID.

² INTA Pergamino-UNNOBA

ivarea@pergamino.inta.gov.ar

El trébol rojo (*Trifolium pratense* L.) es una forrajera utilizada en pasturas de rotación corta en los sistemas lecheros de la región pampeana. Con el objetivo de evaluar el vigor de crecimiento inicial y su relación con los aspectos productivos se evaluaron 118 familias de medios hermanos (FMH) (10 genotipos/familia) en invernáculo y en campo, dispuestas en DBCA con 2 repeticiones en la EEA Pergamino. En invernáculo se midió: Vigor de crecimiento inicial (Vi), Longitud de plántula (Lp), tamaño de folíolo (Tf), Puntos de crecimiento (Pc) y en campo: Densidad de tallos (Dt) y Peso de materia seca (Pms). Algunas variables fueron transformadas. Se aplicó ANOVA, correlaciones y análisis multivariado (PCA y Clusters) con SAS. Se estimó la varianza ambiental, la varianza genética y la heredabilidad en sentido estricto (h^2) de cada carácter. Los resultados evidencian diferencias altamente significativas ($p < 0,001$) entre FMH y las h^2 fueron Vi: 0,38; Lp: 0,44; Tf: 0,39; Pc: 0,80 y Pms: 0,78. Hubo correlación altamente significativa ($p < 0,001$) para los caracteres Tf ($r:0,47$), Lp ($r:0,73$), Pc ($r:0,41$) con el vigor inicial y para el Pms con el Vi ($r:0,19$). Las

FMH se diferenciaron en dos grupos por elevado vigor de crecimiento inicial y producción de materia seca. El 23% correspondió a las FMH con mayor vigor en invernáculo y en campo. Estos resultados permitieron seleccionar las FMH con mayor crecimiento inicial y producción de materia seca.

GMV 6

TRITICALE: TAMIZADO DE LÍNEAS CON APTITUD GRANIFERA

Ganum Gorriz M. J., V. Ferreira, E. Grassi, E. Castillo, A. Ferreira

Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN Río Cuarto.
egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El triticale (*X Triticosecale* Wittmack) puede emplearse en la fabricación de pan integral y alimentos que no requieran harinas leudantes. Con el objetivo de identificar líneas con aptitud granífera, se efectuó la elección rápida de 175 introducciones origen CIMMYT mediante un diseño aumentado, empleando cuatro cultivares como testigos cada 10 parcelas de las introducciones. Caracteres considerados: fenología, ciclo vegetativo, tolerancia a enfermedades y vuelco, ciclo, porte, porcentaje de macollos fértiles, índice de cosecha, peso de mil semillas, peso hectolítrico y grado de arrugamiento del grano. El valor de las líneas se ajustó en base a las medias de los testigos en cada bloque, se compararon a través de la mds y se confeccionó un índice aditivo según el orden de mérito de las líneas para cada carácter cuantitativo. Noventa líneas se eliminaron por susceptibilidad a roya de la hoja, manchas foliares y vuelco. Las 85 líneas restantes presentaron ciclo vegetativo corto y los siguientes valores promedio: porcentaje de macollos fértiles = 85 ± 12 %, índice de cosecha = $22,77 \pm 8,77$ %, peso de mil semillas = $42,78 \pm 7,4$ g y peso hectolítrico = $67,1 \pm 5,26$ kg/hL. Mediante el índice aditivo se eligieron 23 líneas que superaron a los cuatro testigos y otras 28 que superaron a tres testigos. Además, siete líneas no superiores a los testigos se eligieron por presentar alguna característica sobresaliente,

como peso de mil semillas y porcentaje de macollos fértiles. Las líneas selectas resultan promisorias para el cultivo de triticale con destino granífero.

GMV 7

TRICEPIRO: COMPORTAMIENTO PRODUCTIVO Y ESTABILIDAD DE LÍNEAS AVANZADAS

Castillo E.,¹ A. Ferreira,¹ E. Grassi,¹ H. Paccapelo,² V. Ferreira¹

¹ Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN Río Cuarto. egrassi@ayv.unrc.edu.ar

² Facultad de Agronomía, UN La Pampa.

El tricepiro puede utilizarse para consumo fresco en invierno y/o cosecha de grano forrajero. La productividad y estabilidad de 17 líneas avanzadas se analizó mediante ensayos comparativos con DBCA durante 5 años en Río Cuarto y Santa Rosa, empleando tres cultivares de triticale como testigos. La producción de materia seca se evaluó mediante tres cortes, sumatoria de los cortes y acumulada hasta hoja bandera. Se realizaron ANVA y biplot del modelo SREG para analizar la interacción genotipo-ambiente. El porte varió de semierecto a rastrero; sólo tres líneas presentaron susceptibilidad a roya de la hoja en floración. La producción de materia seca en el primer corte fue $212,6 \pm 114,1$ g/m², sin diferencias entre líneas. La interacción genotipo-ambiente fue significativa en el segundo y tercer corte por efecto año y localidad; en cada uno de esos cortes se destacaron dos líneas por su estabilidad y productividad. La media de la suma de cortes fue $438,6 \pm 167,8$ g/m²; cinco líneas superaron significativamente a dos testigos. Respecto a la materia seca acumulada hasta hoja bandera, cuatro líneas superaron los 750 g/m², sin diferencias con el testigo más productivo. El rendimiento en grano presentó interacción genotipo-ambiente significativa. El peso medio de grano fue $115,7 \pm 111,9$ g/m² (RV = 4,5-500,0 g/m²); seis líneas tuvieron un buen comportamiento en al menos tres de los años de ensayo. A partir del análisis, se identificaron seis líneas de tricepiro

promisorias para el uso como doble propósito y dos para producción de grano forrajero.

GMV 8

INCORPORACIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA DEL TRIGO, MEDIANTE RETROCRUZAS ASISTIDAS POR MARCADORES Y "FINGERPRINTING" DEL PADRE RECURRENTE

López M. V.*, Lamuedra S., Ingala L. R., Mercante V., Pergolesi M. F., Sacco F.

Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, CC25 1712 Castelar

*mlopez@cni.inta.gov.ar

La roya de la hoja del trigo es una de las enfermedades de mayor importancia económica en este cultivo. Algunas variedades tradicionales, como Sinvalocho y Buck Manantial, presentan resistencia durable a esta enfermedad, en ellas se caracterizaron genes de resistencia de interés para su uso en el mejoramiento. La utilización de resistencia genética para el control de esta enfermedad es una de las formas más económicas y de menor impacto ambiental. La incorporación de genes mediante sucesivas retrocruzadas es una forma rápida y eficaz para recuperar el fondo genético del padre recurrente, usualmente una variedad de interés comercial. En este trabajo se introgresaron 2 genes (SV1 y SV2 provenientes de Sinvalocho MA) de resistencia de expresión en planta adulta y un gen (G6, proveniente de la línea experimental Gama6) de expresión en plántula, en la variedad comercial susceptible, Klein Don Enrique. Se utilizaron marcadores de AFLP asociados a los mismos y se seleccionaron aquellos individuos con mayor porcentaje de marcadores correspondientes al padre recurrente usando en promedio 63 microsatélites por individuo. Estos fueron elegidos de manera de tener representados todos los cromosomas del genoma, con excepción del 6A, y 7D, ya que no se encontraron polimorfismos para estos.

Mediante selección asistida por marcadores (MAS) fue posible obtener luego de dos

rondas de retrocruzas y una autofecundación individuos portadores de los genes de resistencia SV1, SV2 y G6 con hasta un 94% de similitud con el padre recurrente, constituyendo un avance significativo para un programa de mejoramiento por introgresión de genes.

GMV 9

APTITUD PARA SILAJE DE PLANTA ENTERA DE MAÍZ (*ZEA MAYS* L.): EVALUACIÓN DEL COMPORTAMIENTO EN CRUZAS DE POBLACIONES NATIVAS CON LÍNEAS DE TIPO COLORADO DURAS Y DENTADAS

Incognito S. J. P.,¹ C. G. López,¹ L. M. Bertoia,¹ G. H. Eyhéabide²

¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora.

sincognito@agrarias.unlz.edu.ar

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, E.E.A Pergamino.

Las poblaciones nativas de maíz pueden utilizarse para ampliar la base genética de los programas de mejoramiento, principalmente en aquellos destinados a híbridos sileros cuyo origen son genotipos seleccionados como graníferos, que además presentan buena producción forrajera. El objetivo del trabajo fue evaluar el comportamiento para características relacionadas con el silaje de la planta entera de 8 poblaciones nativas de maíz (pertenecientes a la colección de germoplasma de INTA) en cruzas con líneas endocriadas. Las líneas son LP612, LP122-2 (coloradas), B73 y MO17 (dentadas). 32 cruzas, 8 poblaciones, 3 híbridos comerciales y 6 híbridos experimentales se evaluaron mediante un diseño de bloques completos aleatorizados con 3 repeticiones en dos ambientes. Las cruzas se analizaron según un modelo dialélico parcial (Poblaciones = GrupoI, Líneas = GrupoII), evaluando el rendimiento de materia seca de caña+hoja (RMSCH), espiga (RMSE) y total (RMST). Los genotipos difirieron significativamente en RMSCH ($P < 0,01$), así como en aptitud combinatoria general (ACG) I ($P < 0,01$), aptitud combinatoria específica (ACE) ($P < 0,05$) y la interacción ACGII por

ambiente ($P < 0,01$). Para el RMSE se observaron diferencias significativas entre genotipos, ACGII y sus interacciones con el ambiente ($P < 0,01$). El RMST mostró diferencias significativas para genotipos, ACGI ($P < 0,05$), ACE ($P < 0,01$) y las interacciones entre ACGI, ACGII y el ambiente ($P < 0,01$). Considerando RMST, cinco cruzas población x línea no mostraron diferencias significativas respecto del mejor híbrido comercial ni del mejor híbrido experimental. Estos resultados preliminares son promisorios ya que algunas poblaciones permitirían ampliar la base genética de programas de mejoramiento para silaje de planta entera.

GMV 10

DESARROLLO DE MARCADORES DE AFLP Y ESTABLECIMIENTO DE UNA POBLACIÓN DE MAPEO EN *ILEX PARAGUARIENSIS* (YERBA MATE)

Stein J.,¹ R. Rebozzio,² C Luna,² F. Espasandín,² F. Espinoza,² J. P. A. Ortiz,¹ P. Sansberro,² S. Pessino¹

¹ Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. pessino@arnet.com.ar

² Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste.

La yerba mate (*Ilex paraguariensis*) es una especie vegetal íntimamente ligada a la cultura sudamericana y su explotación es de importancia económica y estratégica para el nordeste argentino. En los cultivos comerciales no mejorados los individuos que los componen presentan bajo rendimiento, siendo la baja tolerancia al estrés hídrico uno de los principales problemas de la producción primaria. La renovación parcial de las plantaciones con cultivares mejorados aumentaría significativamente la productividad promedio. El objetivo de este trabajo fue iniciar la construcción de un mapa genético de yerba mate para contribuir a su mejoramiento. A partir del germoplasma disponible en el IBONE se seleccionó un cultivar femenino (genotipo SI-67, $2n = 2x = 40$) y otro masculino (genotipo SI-49, $2n = 2x = 40$), con comporta-

miento contrastante respecto a la tolerancia a sequía. Utilizando 13 combinaciones de cebadores se obtuvieron 427 marcadores de AFLP sobre estos genotipos. El análisis de los datos genéticos reveló que el 20.1 % de los marcadores mostró polimorfismos entre SI-67 y SI-49 y un coeficiente de similitud de 0.8 entre ambos. Estos datos habilitaron a estos genotipos como posibles parentales para el establecimiento de una población de mapeo. Se realizaron cruzamientos controlados SI-67 x SI-49 y se aislaron embriones en estadio de corazón, que se cultivaron in vitro, estableciéndose una población de más de 700 individuos. Se conservaron 1200 semillas adicionales para extender la población. Esta familia se utilizará para obtener un mapa genético marco de *Ilex paraguariensis* y para identificar a los genes mayores de tolerancia a sequía mediante mapeo por QTL.

GMV 11

VARIABILIDAD GENÉTICA Y CORRELACIÓN EN POBLACIONES F₂ DE SOJA CON CARACTERES PARA CONSUMO HUMANO

Bologna S. B.,¹ E. Rojas,¹ D. O. Soldini,² D. L. Martínez Alvarez,¹ V. S. Perlo¹

¹ Departamento de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de San Luis.

sbologna@fices.unsl.edu.ar

² EEA Marcos Juárez, INTA.

Con el objetivo de proporcionar herramientas para diseñar la estrategia de selección, se estimaron parámetros genéticos y coeficientes de correlación en dos poblaciones F₂ de soja. La población 1 con características de alta proteína y tamaño grande de granos y la población 2 con características de ausencia de lipoxigenasas (triple nula) y de inhibidor de tripsina. Se determinó altura de planta en floración (APR1), rendimiento de granos/planta (RTO), número de vainas/planta (NV) y número de semillas/planta (NS). Se estimó la varianza fenotípica y sus componentes a partir de un análisis de la varianza; se determinó el coeficiente de heredabilidad (h²) en sentido amplio y se calcularon los coeficientes de correlación de

Pearson (r) y los Coeficientes de Sendero (Path Analysis). Los h² para los caracteres de productividad fueron superiores al 50%, observándose los mayores coeficientes en la población 1 para NS (68%) y en la población 2 para NV y NS (78%). En la población 1 el r general entre RTO/APR1 fue 0,48 fundamentalmente por efecto de correlaciones indirectas y el r general entre RTO/NV 0,82, siendo el camino de dicha correlación vía efecto directo. En la población 2 el r general entre RTO/APR1 fue 0,52 principalmente por efecto directo, y para RTO/NS 0,42 especialmente por efectos indirectos. Para ambas poblaciones el criterio más apropiado de selección indirecta para RTO es vía NV. Los parámetros genéticos estimados indican que existe una situación favorable para la selección de los genotipos más promisorios dentro de cada población.

GMV 12

CARACTERIZACIÓN DE UNA RETROCRUZA DE UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE POR ATRIBUTOS POSCOSECHA DE LOS FRUTOS

Pereira da Costa J. H.,^{1,4} G. R. Rodriguez,⁴ G. R. Pratta,^{2,4} R. Zorzoli,^{3,4} L.A. Picardi^{3,4}

¹ FONCyT. jpereira@unr.edu.ar

² CONICET.

³ CIUNR.

⁴ Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Pcia. de Santa Fe.

El uso de genotipos exóticos en programas de mejoramiento permite transferir nuevos genes no presentes en el germoplasma comercial y en consecuencia ampliar la base genética de las poblaciones a mejorar. Para caracterizar los frutos de una generación segregante BC₁ obtenida del cruzamiento entre la cultivar Caimanta (Cai) de *Solanum lycopersicum* (padre recurrente) y la entrada LA722 de *S. pimpinellifolium* se evaluaron 10 plantas de cada progenitor y la F₁ y 65 plantas BC₁ en un diseño completamente aleatorizado. En 465 frutos cosechados al estado rojo maduro se evaluaron: sólidos

solubles (SS), pH, acidez titulable (At), color (a través de L: porcentaje de reflectancia y a/b: índice cromático), firmeza (F) y el cociente SS/At. Los promedios de estos caracteres entre los progenitores y la F_1 se compararon por *t* de Student y se calcularon los grados de dominancia. Se encontró sobredominancia para SS y L, aditividad para F y SS/At, dominancia completa hacia LA722 para a/b y dominancia parcial hacia Cai para At. No hubo diferencias significativas para pH entre los progenitores y la F_1 . La distribución de frecuencias de individuos BC_1 coincidió con lo esperado según los grados de dominancia. La variancia genética estimada por ANOVA entre plantas de esta generación fue significativa para todos los caracteres, excepto para pH. Los parámetros genéticos (grados de dominancia y variancia genética) estimados en esta generación segregante de tomate demuestran el valioso aporte del germoplasma exótico para mejorar atributos que confieren calidad al fruto en la poscosecha.

GMV 13

NUEVOS MARCADORES ASOCIADOS A LA APOMIXIS EN *PASPALUM NOTATUM*

Rebozzio R. N., C. L. Quarín, F. Espinoza

Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Sargento Cabral 2131 (3400) Corrientes.

rrebozzio@agr.unne.edu.ar

La caracterización de diferentes genotipos diploides y tertraploides de *Paspalum notatum* permitió identificar un conjunto de 11 marcadores AFLP característicos de los genotipos apomicticos tetraploides analizados, que podrían estar ligados al carácter apomixis. El objetivo del presente trabajo fue analizar si este grupo de 11 marcadores de AFLP se encuentran ligados a la apomixis en *P. notatum*. Fueron analizados 8 individuos apomicticos y 36 individuos sexuales de la población de mapeo sobre la cual se elaboró el mapa genético de la especie y la planta sexual Q4188 y el genotipo apomictico Q4117 que dieron origen a dicha pobla-

ción. Se incluyó como control 13 introducciones tetraploides de *P. notatum* en las que fueron descriptos los 11 marcadores. Para el análisis de AFLPs, el ADN genómico fue cortado con las enzimas EcoRI y MseI, ligados con adaptadores específicos y amplificados por PCR utilizando 7 combinaciones específicas de oligonucleótidos. Se identificaron los 11 marcadores en el genotipo Q4117 y los 8 individuos apomicticos analizados y no se detectó ninguno de ellos en Q4188 ni en los individuos sexuales. Esto indica que el grupo de 11 marcadores se encuentran 100% ligados al carácter aposporia en el genotipo Q4117. Estos nuevos marcadores son específicos para el carácter y se encuentran conservados en la especie. Los mismos contribuyen a los marcadores ya descriptos como una herramienta valiosa que puede ser utilizada en estudios genéticos y programas de mejoramiento de la especie.

GMV 14

RESPUESTA AL CULTIVO *IN VITRO* DE LOS CLONES DE ÁLAMO (*POPULUS SP.*) 'CONTI 12' Y 'RAGONESE 22 INTA'

Guariniello J.,¹ M. R. Garay,¹ R. D. Ríos,¹ A. L. Basso²

¹ Instituto de Genética "Ewald A. Favret" (IGEAF), CIVyA, INTA Castelar. juliguari@yahoo.com.ar

² Cátedra de Genética, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

En la producción forestal de Salicáceas en el Delta del Paraná existen grandes diferencias entre los requerimientos de la industria —asociados con la calidad de la madera— y los de los productores —relacionados con características agronómicas—. El Programa de Mejoramiento Genético de Salicáceas del INTA desarrolla clones específicos. A diferencia del mejoramiento genético clásico mediante cruzamientos y selección, la transformación genética *vía Agrobacterium* permite, en forestales, introducir genes de interés sobre clones comerciales conservando el fondo genético selecto acelerando el proceso. La respuesta al cultivo *in vitro* es un requisito previo imprescindible.

En busca de un protocolo de cultivo de tejidos *in vitro* eficiente para dos clones comerciales locales de álamos del híbrido *Populus x canadensis* (*Populus deltoides x Populus nigra*): 'Conti 12' y 'Ragonese 22 INTA', se realizaron dos ensayos evaluando: 1) la micropropagación por inducción de yemas axilares, y 2) la regeneración por organogénesis directa a partir de pecíolos, ponderando la elongación, enraizamiento y rustificación de los vástagos. Se probaron medios de cultivo con diferentes concentraciones hormonales para cada etapa.

El nivel de contaminación encontrado a partir del material proveniente del estaquero fue una limitante. Por micropropagación se obtuvieron plantas completas en cantidad suficiente para la producción en masa, principalmente del clon 'Conti 12'. Los medios de enraizamiento originaron diferencias morfológicas en el sistema radical. Por regeneración se obtuvieron plantas completas pero con muy baja eficiencia. Los clones exhibieron un comportamiento diferencial en cada medio de regeneración. Se requiere ajustar más las variables intervinientes.

GMV 15

VARIANCIA ADITIVA PARA EL DESARROLLO SIMULTANEO DE MAZORCAS EN UNA POBLACIÓN DE MAÍZ (*ZEA MAYS*, L) COLORADO DURO PROLÍFICA

Lorea, R. D., G. H. Eyhérbide, D. A. Presello
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Estación Experimental Agropecuaria Pergamino. CC31 Pergamino 2700. rlorea@pergamino.inta.gov.ar

En el maíz se ha determinado una alta correlación entre prolificidad y rendimiento en granos. La presencia de múltiples mazorcas que presenten un desarrollo simultáneo podría permitir un incremento en los rendimientos. Algunos autores propusieron que un simple par de genes son responsables del intervalo de tiempo transcurrido entre el desarrollo de la primera mazorca y la polinización de la segunda. Para el mejoramiento de un carácter por selección debe existir suficiente variancia aditiva y la heredabilidad

en sentido estricto (h^2) es una herramienta para su determinación. Diferentes autores encontraron que los efectos genéticos aditivos son los principales responsables en la determinación de la prolificidad. Con el objetivo de determinar la heredabilidad del desarrollo simultáneo de la primera y segunda mazorca (DSM) en una población de maíz colorado duro prolífica (PP), durante 2007-2008 se sembraron en la EEA Pergamino de INTA 260 individuos de dicha población. Se seleccionaron 57 individuos S_0 autofecundando la segunda mazorca y dejando polinizar libremente la primera. A cosecha se midió la relación entre el peso de la segunda mazorca y la primera (DSM). En 2008-2009 se evaluaron 2.8 individuos en promedio de las 57 familias S_1 ($n = 160$) de igual manera que los individuos S_0 , a cosecha se midió DSM. Para determinar la h^2 de DSM se analizó la relación progenie progenitor. Los valores de h^2 (0.38) indican la presencia de variancia aditiva en PP que permitiría la obtención de líneas endocriadas por selección con el desarrollo simultáneo de la primera y segunda mazorca.

GMV 16

EVALUACIÓN DE DOS CICLOS DE SELECCIÓN RECURRENTE RECÍPROCA DE HERMANOS COMPLETOS EN COMPUESTOS PRECOCES DE MAÍZ (*ZEA MAYS*, L)

Rossi P.,¹ R. D. Lorea,^{1, 2} L. M. Appendino,¹ G. H. Eyhérbide,² D. A. Presello²

¹ Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Cátedra de Genética General, Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales. pedrorossi111@hotmail.com

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Estación Experimental Agropecuaria Pergamino. CC31 Pergamino 2700.

Una estrategia común de los programas de mejoramiento es aprovechar el patrón heterótico colorado vs. dentado. La selección recurrente recíproca (SRR) es un método cíclico, con objetivos a largo plazo que actúa mejorando directamente la performance de los cruzamientos entre las poblaciones e in-

directamente las poblaciones *per se*. La SRR de hermanos completos (SRR-HC) presenta además la ventaja de ser aplicable al desarrollo de líneas e híbridos simples. El objetivo fue analizar la eficiencia obtenida al aplicar SRR-HC en dos poblaciones precoces de maíz. Los materiales sometidos a SRR-HC durante dos ciclos fueron el Compuesto Colorado Precoz (CCP) y el Compuesto Dentado Precoz (CDP). Se seleccionó por rendimiento en grano, precocidad y calidad de caña. Cada ciclo de SRR-HC requirió de 4 estaciones. Durante 2008-2009, los ciclos de SRR-HC (CCP-C₁, CCP-C₂, CDP-C₁, CDP-C₂) y los compuestos originales (CCP-C₀, CDP-C₀) fueron evaluados en ensayos en DBCA (4 repeticiones) en la EEA Pergamino (INTA), en dos épocas de siembra, por su comportamiento *per se*. Se analizaron componentes de rendimiento, precocidad y calidad de caña. Se calculó el progreso obtenido por carácter. El CCP solo presentó diferencias significativas para peso de espigas, el progreso promedio por ciclo fue 6.16 %. Se encontraron diferencias significativas para peso de mil semillas y peso de espigas para el CDP, con un progreso promedio por ciclo de 9.38 % y 9.28 % respectivamente. La SRR-HC resultó satisfactoria para el mejoramiento de los compuestos *per se* en algunos de los caracteres evaluados, indicando la presencia de efectos aditivos.

GMV 17

DIFERENCIAS MORFOFISIOLÓGICAS ENTRE CULTIVARES DE MOHA [*SETARIA ITALICA* (L.) P. BEAUV.] DE ARGENTINA Y DE OTROS ORIGENES

Rimieri P.,¹ B. Rosso,² J. G. Velazco¹

¹ Grupo Mejoramiento de Forrajeras.

primieri@pergamino.inta.gov.ar

² Banco de Germoplasma, EEA Pergamino INTA.

La Moha [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.], es una especie anual, estival, C4, de ciclo muy corto, difundida en todo el mundo y utilizada como cultivo granífero y forrajero. Los dos cultivares inscriptos y mejor conocidos en Argentina se obtuvieron por selección

individual entre 1966-68. En el Banco de Germoplasma del INTA-Pergamino se han introducidos cultivares de la colección mundial del USDA. El objetivo de este trabajo fue caracterizar y comparar a los cultivares mencionados con los cultivares utilizados en Argentina, de acuerdo a sus características morfofisiológicas. Se evaluaron dos cultivares locales, *Carapé INTA* (CI) y *Yaguané INTA* (YI), dos variedades locales Coloradas Gigantes (CG1 y CG2) y cultivares de Texas (Te), Colorado (Co), Nebraska (Ne) y Dakota del Sur (Da) de EEUU; y de Canadá (Ca), Líbano (Li) y China (Ch). Diseño experimental: DBCA, en planta individual (0.4x0.4m.). Variables analizadas: altura de planta, días a floración, número de macollos y largo y ancho de panojas. El Análisis de Componentes Principales permitió detectar una gran variabilidad sobre el CP1, con un aporte similar de cada variable. Los cultivares se ubicaron en tres grupos: uno caracterizado por plantas altas, pocos macollos, panojas grandes y ciclo largo (YI-Te-Co-CG1-Ch-Cg2); otro grupo con plantas bajas, muchos macollos, panojas pequeñas y ciclo corto (Ne-Da-Li); y un tercer grupo con cultivares de características intermedias (CI-Ca). Tres orígenes argentinos (YI-CG1-CG2) estuvieron asociados a los del tipo granífero, mientras que CI con los de tipo intermedio. Esta información permitirá definir la incorporación de nuevo germoplasma, su manejo en colecciones y el uso en mejoramiento.

GMV 18

AVANCES EN LA OBTENCIÓN DE PLANTAS TRANSGÉNICAS DE ALFALFA CON EL GEN DE LA *SNAK/INA-1* DE PAPA Y ALFALFA

García A. N.,¹ V. Nahirñac,¹ MC Gómez,¹ M. J. Dieguez,¹ E. M. Pagano, C. Vazquez Rovere,² F. J. Ardila,¹ P. M. Franzone,¹ R. D. Rios¹

¹ Instituto de Genética "Ewald A. Favret".

angarcia@cniia.inta.gov.ar

² Instituto de Biotecnología, CICV y A INTA. CC 25 Castelar (1712).

No obstante el importante desarrollo alcanzado por el mejoramiento genético de la

alfalfa, las enfermedades fúngicas constituyen una importante limitación al disminuir el rendimiento y la calidad del forraje. Frente al ataque de patógenos, además de respuestas raza-específicas, las plantas despliegan respuestas de defensa no específicas que las protegen de un amplio espectro de patógenos mediante la activación de genes previamente inactivos o expresados a niveles basales. En este trabajo se presentan avances de dos líneas de estudio, que coinciden en la obtención de plantas transgénicas de alfalfa, con el gen que codifica para el péptido antimicrobiano "snakina-1". Dicho gen demostró tener actividad *in vitro* frente a patógenos fúngicos y bacterianos de papa y de otras especies. Se realizaron construcciones con el gen *snakina-1* de alfalfa regulado por el promotor constitutivo 35S, dirigidas a sobreexpresar y silenciar dicho gen. También se realizaron construcciones con el gen *snakina-1* de papa regulado por el promotor 35S o por el promotor inducible *rbcS-E9* de poroto. Vía *Agrobacterium* se obtuvieron plantas transgénicas con la *snakina-1* de alfalfa y el promotor 35S. Asimismo sólo se obtuvieron plantas transgénicas con la *snakina-1* de papa regulado por el promotor 35S. La presencia de los transgenes en todos los casos se detectó por PCR y su expresión se evaluó por RT-PCR. Se espera que la sobreexpresión y silenciamiento del gen *snakina-1* de alfalfa posea efecto sobre el fenotipo de las plantas transformadas, particularmente sobre su respuesta a hongos fitopatógenos.

GMV 19

MODO REPRODUCTIVO DE UNA PROGENIE ORIGINADA EN UN CRUZAMIENTO SEXUAL X APOMÍCTICO ENTRE ESPECIES DEL GRUPO PLICATULA DE *PASPALUM*

Aguilera P. M., F. Galdeano, J. P. A. Ortiz, C. L. Quarín, F. Espinoza

Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes, Argentina. paguilera@agr.unne.edu.ar

Plicatula constituye un grupo informal de especies de *Paspalum* morfológicamente afi-

nes a *P. plicatulum*. La mayoría son tetraploides apomícticas (4xA) aunque algunas contienen también citotipos diploides sexuales (2xS). No se conocen 4x sexuales (4xS) dentro de Plicatula. Experimentalmente se obtuvieron plantas 4xS por duplicación cromosómica de plantas 2xS de *P. plicatulum*. Se usó una planta 4xS como madre en cruzamientos con una polinizadora 4xA de *P. guenoarum*, especie que también pertenece a Plicatula. Los objetivos fueron: comprobar si las F₁ son fértiles y clasificarlas por su sistema reproductivo. Como criterio de clasificación se usó el contenido relativo de DNA embrión/endospermo, medido con un citómetro de flujo, para lo cual se analizaron 20-50 semillas por cada F₁. Una relación embrión/endospermo 2:3 es típica de una planta sexual, mientras que las apomícticas, al ser seudógamas, desarrollan semillas con relación 2:5. Los resultados actuales permiten afirmar que: la progenie es fértil porque las 118 F₁ produjeron semillas aunque aún desconocemos el grado exacto de fertilidad de cada F₁; ochenta F₁ resultaron tener reproducción sexual de acuerdo al contenido de DNA embrión/endospermo, mientras las 38 restantes produjeron semillas por aposporia, partenogénesis y seudogamia (apomícticas). Esto indica que un tercio de la población segregante lleva el carácter apomixis. Esta proporción no concuerda con ningún resultado esperado para una hipótesis de herencia tetrasómica de un carácter monogénico y dominante como generalmente se sostiene. La conclusión es que podría existir algún tipo de distorsión en la segregación o, alternativamente, que la hipótesis no se confirma en este caso.

GMV 20

VARIABILIDAD GENÉTICA EN CULTIVARES DE TRÉBOL BLANCO (*TRIFOLIUM REPENS L.*) MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES Y CARACTERES MORFOFISIOLÓGICOS

Randazzo C. P.,^{1,2} E. M. Pagano,² B. S. Rosso,³ R. D. Ríos¹

¹ Facultad de Ciencias Exactas, Universidad de Morón, Morón. cecirand@gmail.com

² Instituto de Genética "Ewald A. Favret", INTA Castelar.

³ EEA INTA Pergamino.

El trébol blanco es una leguminosa forrajera de gran valor nutritivo, utilizada ampliamente como componente de las pasturas cultivadas. Por su modo de reproducción las poblaciones de trébol blanco presentan amplia variabilidad genética, que los programas de mejoramiento han utilizado para el desarrollo de cientos de cultivares. El objetivo de este trabajo fue estudiar la variabilidad genética de 15 cultivares de trébol blanco, provenientes de diversos orígenes, mediante marcadores moleculares SSR y caracteres morfofisiológicos. La extracción de ADN se realizó sobre un *bulk* de tejido foliar de 30 plantas/cultivar; para el análisis molecular se utilizaron 15 SSR marcados con fluorescencia y los productos de PCR fueron estudiados en el analizador genético ABI PRISM 3130. La similitud genética de los cultivares se obtuvo mediante el coeficiente DICE para los datos moleculares y mediante distancia Euclidea para los datos de 21 caracteres morfofisiológicos, obtenidos en el campo experimental de EEA Pergamino. Los agrupamientos se realizaron por UPGMA y se visualizaron mediante dendogramas. El resultado del análisis molecular, muestra una amplia variabilidad genética indicado por los valores de similitud (0,48 a 0,80). La clasificación basada en los caracteres morfofisiológicos mostró claramente dos grupos de acuerdo al tamaño foliar. La comparación de los dendogramas indicó que los cultivares tendieron a agruparse en ambos estudios de manera similar.

GMV 21

DESARROLLO DE UN SISTEMA DE REGENERACIÓN Y TRANSFORMACIÓN PARA EL ESTUDIO DE LA APOMIXIS EN *PASPALUM NOTATUM*

Woitovich N.,¹ H Permingeat,¹ M. Mancini,¹ J. P. Ortiz,^{1,2} C. Quarín,² S. Pessino,¹ S. Felitti¹

¹ Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Parque Villarino, S2125ZAA Zavalla, Provincia de Santa Fe. sfelitti@unr.edu.ar

² Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE) - CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, 3400 Corrientes, Provincia de Corrientes.

La apomixis es un modo de reproducción asexual vía semillas presente en angiospermas. En trabajos previos hemos identificado varias decenas de genes implicados en el desarrollo apomítico de *P. notatum*. El objetivo de este trabajo fue desarrollar un sistema de cultivo de tejidos, regeneración y transformación de plantas para poder realizar estudios funcionales de estos genes candidatos en la especie. Se utilizaron genotipos poliploides apomíticos y sexuales. Se cultivaron semillas y embriones maduros en medio IM con diferentes hormonas según el explanto utilizado. Entre 4 y 6 semanas más tarde los callos embriogénicos fueron sub-cultivados en el mismo medio utilizado para la inducción. Luego de 2 a 4 semanas fueron transferidos a medio IM + BAP, GA₃ y CuSO₄ para la regeneración de vástagos. Los callos con vástagos de más de 5 mm fueron transferidos a medio SH + NAA y vitamina B5 para el desarrollo de raíces. Los callos embriogénicos fueron transformados utilizando la técnica biolística. Se emplearon micropartículas de tungsteno recubiertas con el plásmido pDP687 (que contiene genes reguladores de la síntesis de antocianinas) y se aplicaron presiones en un rango de 800-1100 psi. A las 48 hs se examinó el tejido bombardeado para detectar la presencia de células transformadas con coloración rojiza. Se obtuvieron curvas de selección con glufosinato y kanamicina. La tecnología desarrollada se utilizará para intentar la transformación estable de los mismos genotipos con vectores de

silenciamiento, para analizar si los genes candidatos afectan el desarrollo reproductivo en esta especie.

GMV 22

IDENTIFICACIÓN Y EVALUACIÓN DE LAS RELACIONES GENÉTICAS ENTRE MATERIALES DE KENAF (*HIBISCUS CANNABINUS* L.)

Collavino N. G.,¹ M. I. Pocoví,¹ L. N. Gray,¹ J. A. Mariotti,² R. D. Ríos,² T. Millán³

¹ Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina.

collavingrace@yahoo.com.ar

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina.

³ Universidad de Córdoba, Córdoba, España.

El kenaf (*Hibiscus cannabinus* L.) es una especie de interés para la producción de fibra, como materia prima no maderera utilizada en la fabricación de papel y otros productos parcialmente sustitutos del petróleo. La Universidad Nacional de Salta mantiene una colección de accesiones de Kenaf que se utilizó para investigar su variabilidad genética y establecer las relaciones genéticas entre las mismas. Para ello se utilizaron marcadores moleculares complementados con características morfo-agronómicas. Sobre la base de 205 marcadores AFLP (12 combinaciones de cebadores) y en 24 accesiones de kenaf, se estimaron: Porcentaje de *loci* polimórficos, Coeficiente de Similitud Genética de *Jaccard* y Poder Discriminatorio por cebador. Se construyeron dendrogramas con el método de agrupamiento UPGMA y se aplicó un Análisis de Coordenadas Principales (ACP). El porcentaje de *loci* polimórficos promedio fue de 38%. Los valores de similitud genética variaron desde 0,74 a 0,98 lo que es indicativo de una estrecha relación genética entre los materiales. El dendrograma permitió diferenciar dos grupos de estos materiales: por un lado se agruparon variedades comerciales de ciclo más largo y mayores rendimientos en fibra y semilla y por otro, las accesiones no comerciales. Estos agrupamientos fueron corroborados por ACP.

Del total de 12 combinaciones de cebadores, siete resultaron suficientes para el establecimiento de las relaciones genéticas entre los materiales estudiados. Se sugiere la conveniencia de introducir nuevos materiales para ampliar la base genética del Banco de Germoplasma y hacer más efectivo los trabajos de mejora genética en esta especie.

GMV 23

MECANISMOS INVOLUCRADOS EN LA TOLERANCIA A MAL DE RÍO CUARTO

Bonamico N. C., M. A. Ibáñez, M. L. Borghi, M. D. Dallo, M. A. Di Renzo

FAV, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba. nbonamico@ayv.unrc.edu.ar

El modo más eficiente y ambientalmente aconsejado para controlar enfermedades en cultivos extensivos es la tolerancia genética. Los objetivos de este trabajo fueron comprender las bases genéticas de la tolerancia a Mal de Río Cuarto (MRC), principal virosis del maíz en Argentina, e interpretar los posibles mecanismos involucrados. Una población F2:6 derivada del cruzamiento entre una línea tolerante y una sensible se utilizó para identificar QTL para tolerancia a MRC. La enfermedad se evaluó en cuatro ambientes del área endémica según una escala de cuatro grados desde 0 (planta sana) a 3 (planta con máxima expresión de síntomas). Las variables fenotípicas para cada parcela fueron grado de severidad medio (grado medio de todas las plantas con síntomas ó no), incidencia (proporción de plantas con síntomas) y severidad (grado medio de todas las plantas con síntomas). El análisis de QTL se realizó con datos de marcadores SSR y BLUP obtenidos sobre las variables fenotípicas en cada ambiente y a través de ellos. El mapeo por intervalo compuesto usó entre 1 y 4 marcadores como cofactores y permitió identificar siete QTL localizados en los cromosomas 1, 4, 6 y 8. La existencia de grupos de QTL parcialmente superpuestos para los componentes de incidencia y severidad, sugiere más de un posible mecanismo involucrado en la tolerancia a MRC. La disminu-

ción en la severidad indicaría que prevalecen mecanismos de tolerancia al virus, mientras que la reducción en la incidencia indicaría mecanismos de tolerancia al virus así como a la transmisión por el vector.

GMV 24

IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS RECOMBINANTES DE TRIGO (*TRITICUM AESTIVUM*) TOLERANTES AL ESTRÉS BIÓTICO

Tacaliti M. S.,¹ D. Giménez,² A. M. Castro^{1,2}

¹ Genética, Fac de Agronomía, Universidad Nacional de La Plata. msilviatacaliti@yahoo.com.ar

² Instituto de Fisiología Vegetal, CONICET.

La identificación de tolerancia al estrés en plantas es laboriosa y su selección debe realizarse mediante fenotipado tradicional y selección asistida. El objetivo del presente trabajo fue identificar marcadores microsatélites asociados a la tolerancia, en líneas recombinantes de trigo (*Triticum aestivum*) tratadas con hormonas inducidas por estrés.

Se analizaron líneas recombinantes para un segmento cromosómico, obtenidas por el cruzamiento de dihaploides contrastantes por su resistencia a áfidos y patógenos y portadoras de genes de tolerancia a las hormonas Etileno, ABA, Ácido Jasmónico y Ácido Salicílico. Se evaluó, mediante la prueba del coleoptilo, su crecimiento en 1200 líneas luego de la aplicación exógena de Etileno. Simultáneamente se realizó el cribado molecular de estos materiales con marcadores microsatélites, en geles de poliacrilamida y tinción de plata.

Se encontró un 15% de líneas recombinantes con buen comportamiento frente al tratamiento hormonal. En estas mismas líneas se identificaron marcadores microsatélites diferenciales. Estos materiales tolerantes permitirán el desarrollo de nuevos marcadores asociados, internos al fragmento de interés, portador de genes que otorgan tolerancia a una amplia gama de injurias bióticas. Mediante su selección asistida se facilita y agiliza la incorporación de estos genes a materiales comerciales.

GMV 25

HERENCIA Y EFECTO DE LA ÉPOCA DE SIEMBRA EN CARACTERES DE VALOR ORNAMENTAL EN EL GIRASOL

Echeverría M. M., Salaberry M. T., Divita E., Rodríguez R. H., Castaño F. D.

Unidad Integrada de Balcarce (UIB, Estación Experimental INTA-Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP). Balcarce, BA. mecheverria@balcarce.inta.gov.ar.

El girasol cultivado puede utilizarse como ornamental. En la UIB se han obtenido líneas endocriadas e híbridos simples. En el verano 2008/09, se evaluaron seis líneas endocriadas y doce híbridos en dos épocas de siembra, en un ensayo en el campo, con el objetivo de saber si hay efectos de heterosis y de la época de siembra en los híbridos simples, con respecto a los caracteres de valor ornamental. Las plantas de las líneas difieren principalmente en la altura, el número y el diámetro de los capítulos y el color de las flores sexuales (amarillo o púrpura) y el de las flores liguladas (púrpura, amarillo o una combinación de ambos). En general, los híbridos son de mayor altura, tamaño de las hojas y largo del pecíolo y tardan menos en florecer que las líneas progenitoras. Son intermedios en el número y el tamaño de los capítulos, el número de flores liguladas y la presencia de antocianinas en el tallo y los pecíolos. La presencia de este pigmento en los estigmas es un carácter dominante. En las flores liguladas, el color amarillo es un carácter con efecto materno y la dosis de antocianinas es intermedia entre ambas líneas. Las plantas sembradas en la segunda época, fueron más altas, tuvieron hojas más grandes y necesitaron menos días para florecer que en la primera. El momento de la siembra no influyó sobre el color de las flores. La caracterización de estos genotipos permitirá seleccionar los más atractivos para ser inscriptos como girasol ornamental.

GMV 26

PARAMETROS GENÉTICOS EN CARACTERES REPRODUCTIVOS DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE RAIGRÁS ANUAL

Acuña M.,¹ Álvarez G.,² Andrés A.,¹ De Battista J.³

¹ EEA INTA Pergamino-UNNOBA.

macunia@pergamino.inta.gov.ar

² UNaM Lic. Genética.

³ EEA INTA Concepción del Uruguay.

El raigrás anual (*Loulium multiflorum Lam*) es una de las forrajeras anuales más importante utilizada en sistemas productivos intensivos ganaderos de Argentina. El objetivo del presente estudio fue determinar la heredabilidad en sentido estricto (h^2) de los caracteres asociados a la producción de semilla en dos grupos de familias de medios hermanos (FMH) de distinta precocidad. Se evaluaron 26 FMH correspondientes al grupo de precocidad temprana (E) y 27 FMH correspondientes al grupo de precocidad tardía (L), ambos dispuestos en DBCA con dos repeticiones, en condiciones de planta aislada en campo de la EEA Pergamino. Los caracteres evaluados fueron días a floración (daf), número de espigas (nesp), peso de mil semillas (pmil) y peso total de semillas (psem). La información se analizó mediante procedimiento ANOVA de SAS. Se realizó comparación de medias fenotípicas y se estimó la varianza genética, ambiental y h^2 . Los resultados indicaron diferencias ($P < 0,001$) entre familias para la mayoría de los caracteres evaluados en ambos grupos, con excepción de daf para E. La h^2 varió entre 0,18 (daf) y 0,76 (psem) para E, y entre 0,28 (nesp) y 0,83 (psem) para L. En términos generales el carácter precocidad (daf) evidenció menor variabilidad en el grupo E respecto al L. Los resultados obtenidos permiten concluir que la segregación para daf en L continúa siendo elevada a pesar de la presión de selección aplicada (50%), indicando la necesidad de continuar seleccionando por este carácter para obtener en próximas generaciones dos grupos bien definidos de precocidad.

GMV 27

VARIABILIDAD GENETICA Y ESPECTATIVAS DE RESPUESTA A LA SELECCIÓN DEL PESO DE LA SEMILLA EN *LOTUS TENUIS*

Mujica M. M.,^{1,2} M. J. Arturi,¹ A. M. Biscaisaque¹

¹ Area Mejoramiento Genético, Fac. de Cs. Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata.

² Dirección de Transferencia de Tecnología MAA Pcia. de Buenos Aires.

El peso de la semilla determina fuertemente el “vigor de plántula”, el cual es considerado un carácter estratégico para la implantación de *L. tenuis* en pastizales de ambientes marginales. El objetivo fue evaluar variabilidad genética y expectativas de avance genético en el peso de la semilla. La población base se conformó con muestras de germoplasma recolectado en la Pampa Deprimida. Se implantó en la Estación Exp. J. Hirschhorn (UNLP), La Plata. Se seleccionó el 30% superior por caracteres vegetativos y fitosanitarios, se cosechó y determinó el peso de 400 semillas de cada selecta, ($n=59$). Las progenies (medios hermanos) fueron evaluadas en el mismo lugar, en un diseño de parcelas no replicadas ($r=1$) y una variedad experimental intercalada regularmente ($r'=10$) como testigo, estimadora de la varianza ambiental y elemento de control de la heterogeneidad microambiental. También se aplicó a los datos, como alternativa, el ajuste por media móvil. La varianza entre progenies proveyó una estimación de la varianza fenotípica, útil para el cálculo de la heredabilidad en sentido amplio. La regresión progenie/planta madre se utilizó para estimar la heredabilidad en sentido estricto y con ella la proporción de varianza aditiva y el avance genético probable. Los resultados indican que un 40% de la varianza total correspondería a varianza aditiva. Para una intensidad de selección moderada (10%) el avance genético esperado fue 3,32 %. Por lo tanto podría esperarse una respuesta positiva a métodos de mejoramiento intrapoblacional, basados, por ejemplo, en ciclos de selección recurrente orientados al aumento del peso de semilla.

GMV 28

EL ANÁLISIS DE SECUENCIAS DE ADNCP EVIDENCIA QUE LAS DISTINTAS VARIETADES BOTÁNICAS DEL MANÍ (*ARACHIS HYPOGAEA* L.) POSEEN UN ORIGEN ÚNICO

Grabiele M., G. Robledo, J. G. Seijo

Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE – CONICET) y FaCENA, Universidad Nacional del Nordeste, C.C.209, 3400 Corrientes, Argentina.
marinagrabiele@hotmail.com

Arachis hypogaea es un alotetraploide perteneciente a la sección *Arachis*, la cual también incluye 29 especies diploides y un alotetraploide (*A. monticola*) silvestres. Sobre la base de que las dos subespecies y las seis variedades botánicas del maní presentan baja variabilidad genética, se acepta generalmente que este cultígeno tiene un origen único. Sin embargo, también se ha propuesto que cada una de las subespecies tendría origen independiente; o alternativamente, que luego de un origen único éstas pudieron surgir a partir de varios eventos de introgresión con diferentes especies silvestres. Actualmente, *A. monticola* es considerada tanto un ancestro directo como un derivado introgresante del cultígeno. En este marco, el objetivo de este trabajo fue investigar el origen del maní, analizando secuencias de ADNcp en las seis variedades botánicas de *A. hypogaea* y en *A. monticola*. Para analizar los tetraploides, se amplificaron seis regiones no codificantes de ADNcp polimórficas para algunas especies diploides de la sección *Arachis*. Los productos de amplificación fueron secuenciados y las secuencias editadas manualmente. En los 5200pb analizados no se observaron eventos de sustitución ni inserción/delección para ninguna de las regiones estudiadas en las seis variedades botánicas de *A. hypogaea* y en *A. monticola*. Estos resultados sugieren que una sola especie diploide habría intervenido como donante materno en el origen del cultígeno; sin embargo, la igualdad de las secuencias observadas en ambos tetraploides, no permite resolver si *A. monticola* es ancestro o derivado de

A. hypogaea. Por otro lado, los datos indican que las variedades botánicas del maní tendrían un origen reciente, a pesar de la alta variabilidad morfológica observada en las mismas.

GMV 29

APLICACIÓN DE SSRS PARA DETERMINAR EL GRADO DE SIMILITUD DE HÍBRIDOS COMERCIALES DE MAÍZ UTILIZADOS EN ARGENTINA

Pacheco M. G.,^{1,2} V. J. Etchart,¹ A. M. García,² G. E. Schrauf,² C. Banchoero²

¹ Instituto de Genética Ewald Favret, CICVyA INTA Castelar, Pcia. de Bs. As.

² Cátedra de Genética, Facultad de Agronomía, UBA- (FAUBA), Cdad Autónoma de Bs. As.
gschrauf@agro.uba.ar

El mejoramiento genético puede acarrear fenómenos de “cuellos de botella” y consecuentemente reducir la variabilidad genética. La uniformidad genética tiene implícito un alto riesgo de vulnerabilidad a factores bióticos y abióticos lo que se traduciría en grandes pérdidas de rendimiento, esto hace relevante preguntarse si los híbridos comerciales de maíz utilizados en Argentina presentan una alta similitud. El presente trabajo muestra los resultados iniciales hallados al analizar molecularmente 36 híbridos comerciales de diferentes criaderos. Se realizó la caracterización genética utilizando marcadores del tipo SSR. Fueron inicialmente ensayados 16 pares de cebadores correspondientes a los 10 cromosomas del maíz. De esos, 8 SSRs fueron elegidos para la caracterización de todos los materiales por amplificar patrones claros y reproducibles. Los resultados fueron sujetos a un análisis de conglomerados con el programa NTSyS utilizando el índice de similitud de Jaccard (cuyo rango va de 0 a 1) y representándolos espacialmente mediante un dendrograma utilizando el algoritmo UPGMA. La información obtenida muestra que los híbridos de algunos criaderos se agrupan y tienen mayor similitud que otros de otros criaderos, si bien en general mantienen un cierto grado de si-

militud según origen aunque confundidos con los de otros criaderos. Los valores de similitud estuvieron entre 0,64 y 0,97. El trabajo presentado tiene un sentido exploratorio y se ampliará tanto en el número de híbridos como de marcadores, sin embargo la utilización de la metodología SSR en 36 híbridos de maíz representativos de la Argentina ha permitido identificar marcadores moleculares con un excelente potencial de discriminación.

GMV 30

LIGAMIENTO ENTRE CARACTERES CUANTITATIVOS ASOCIADOS A CALIDAD Y POLIPÉPTIDOS EXPRESADOS EN DOS ESTADOS DE MADUREZ DEL FRUTO EN LÍNEAS ENDOCRIADAS RECOMBINANTES (RILS) DE TOMATE

Gallo M.,^{1,4} G. R. Rodríguez,⁴ G. R. Pratta,^{2,4} R. Zorzoli,^{3,4} L. A. Picardi^{3,4}

¹ Tesinista de la Licenciatura en Biotecnología.
gallomari@yahoo.com.ar

² CONICET.

³ CIUNR.

⁴ Cátedra de Genética, FCA-UNR. CC14 S2125ZAA
Zavalla, Argentina.

Los perfiles proteicos se utilizan en diversas especies como marcadores moleculares para auxiliar al mejoramiento clásico. El objetivo del trabajo fue detectar ligamiento entre perfiles proteicos en dos estados de madurez del fruto con caracteres cuantitativos asociados a calidad poscosecha de tomate. Se evaluaron 18 RILs obtenidas de un cruzamiento interespecífico entre *Solanum lycopersicum* y *S. pimpinellifolium*. Las fracciones polipeptídicas del pericarpio verde maduro (VM) y rojo maduro (RM) se resolvieron por SDS-PAGE y la segregación mendeliana 1:1 de las bandas robustas se verificó con χ^2 . Se midieron: número de lóculos (NL), pH, dureza (Du), peso (P) y vida poscosecha (VP). El GDG de estos caracteres se estimó por ANOVA. El ligamiento entre las variables cuantitativas y los polipéptidos de segregación mendeliana se determinó por análisis de un único punto. Dieciocho de 24 polipép-

tidos en VM y 16 de 23 en RM ajustaron a la segregación mendeliana ($\chi^2_c < 3,841$, n.s.). El GDG fue significativo para todos los caracteres y varió entre 0,49 y 0,97. De los polipéptidos con segregación mendeliana, 3 de VM presentaron ligamiento con NL, pH y P, mientras que 3 de RM estuvieron ligados a Du y VP. La proporción de variancia fenotípica explicada por cada polipéptido varió entre 0,22 y 0,41. Se encontró ligamiento simultáneo entre un polipéptido de 69,57 kDa de VM con NL y P y uno de 47,40 kDa de RM con Du y VP. Se detectaron 8 marcadores proteicos para 5 caracteres cuantitativos asociados a calidad en tomate.

GMV 31

COMPORTAMIENTO DE LA CORRELACIÓN FENOTÍPICA ENTRE RENDIMIENTO Y CALIDAD EN VARIEDADES DE TRIGO PAN

Yannicari M. E.,¹ Mujica M. M.,^{1,2} Yalungo F. Y.^{1,3}

¹ Area Mejoramiento Genético, Fac. de Cs. Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata.
mmujica@ciudad.com.ar

² Dirección de Transferencia de Tecnología y Experimentación MAA Pcia. de Buenos Aires.

³ Dirección de Producción Agrícola Extensiva, SAGPyA.

Frecuentemente existe correlación negativa entre rendimiento y porcentaje de proteínas del trigo, limitando la obtención de cultivares de alto potencial de rendimiento y calidad proteica. Algunos antecedentes plantean que para algunos cultivares esto no se cumple, lo cual es promisorio para mejorar la productividad. El objetivo fue analizar el panorama de correlaciones fenotípicas entre rendimiento y componentes de calidad en variedades de trigo pan evaluadas en la localidad de Barrow (período 2002-2006). Se utilizaron datos de la Red de Ensayos Territoriales (RET), disponibles en el INASE, de las campañas 02/03, 03/04, 04/05 y 05/06, obtenidos de ensayos en bloques al azar con tres repeticiones, realizados en la CEI Barrow, sembrados cada año del 15/07 al 20/07 con tratamientos antifúngicos. Los caracteres analizados fueron: rendimiento, proteína (Pr%) y peso hectolítrico (PH). Por

campana, se determinó: media general, S^2 , S , $CV(\%)$ y coeficiente de correlación (r). Para rendimiento vs PH no se encontraron correlaciones que interfieran el avance genético simultáneo. Para rendimiento vs $Pr\%$ en 04/05 y 05/06 se encontró correlación negativa $p < 0,05$ y $p < 0,01$, respectivamente. En 02/03 y 03/04 se registra independencia, detectándose que sólo algunas variedades causan este patrón no esperado y, dentro de éstas, algunas superan la media de ambos caracteres durante 2 o más de los años evaluados. Estos genotipos, capaces de expresar diferencialmente un alto potencial de rendimiento y calidad, podrían haber resultado de una muy eficiente identificación y selección de recombinantes raros en poblaciones segregantes. La importancia agronómica del tema requiere de una amplia y profunda investigación.

GMV 32

CARACTERIZACIÓN DE BIOTIPOS DE *LOLIUM PERENNE* L. RESISTENTES A GLIFOSATO MEDIANTE LA EXPRESIÓN DE DISTINTOS SISTEMAS ISOENZIMÁTICOS

Yannicari M. E.,¹ A. M. Castro,² D. O. Giménez,¹ M. C. Istilart³

¹ Cátedra de Fisiología Vegetal Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, Pcia. de Buenos Aires.
marcosyannicari@gmail.com

² Cátedra de Genética Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, Pcia. de Buenos Aires.

³ Chacra Experimental Integrada Barrow MAAyP - INTA, Pcia. de Buenos Aires.

La resistencia de insectos a plaguicidas se ha caracterizado por la correlación positiva de ésta y la expresión de alfa-carboxilesterasas. *Lolium perenne* L. ha desarrollado resistencia a glifosato por ello se evaluó la variabilidad en la expresión de distintos sistemas isoenzimáticos de un biotipo susceptible y tres resistentes a glifosato provenientes de la zona problema. Planteando que la resistencia llevaría asociada diferencias en la expresión de isoenzimas. A plantas de

tres hojas expandidas, de cada biotipo, se le aplicaron los siguientes tratamientos: 1- Pulverización de glifosato (1440 g. e. ácido/ha) y 2- Control. A las 24hs se cosechó la parte aérea de cada biotipo y se procedió a la evaluación de esterasas, peroxidasas y fosfatasas mediante electroforesis vertical en geles de poliacrilamida siguiendo los protocolos de Wendel y Weeden. Ante la aplicación de glifosato, el biotipo susceptible disminuyó la expresión de las alfa-carboxilesterasas mientras que en los tres biotipos resistentes se incrementó mostrando un patrón de bandas diferenciable. La expresión de peroxidasas en todos los biotipos disminuyó al aplicar el herbicida. La expresión de fosfatasas se indujo con glifosato sin poder determinar diferencias entre susceptibles y resistentes. Se asume que la respuesta reflejada en isoenzimas alfa-carboxilesterasas podría contribuir a la supervivencia de *Lolium perenne* L. a dosis letales de glifosato por intervenir en algún mecanismo detoxificante. Esta asociación entre una resistencia a herbicida y un marcador bioquímico se comunica por primera vez y podría ser una herramienta para identificar materiales resistentes/susceptibles mediante selección asistida.

GMV 33

ANÁLISIS DE LA APTITUD COMBINATORIA EN LÍNEAS DE MAÍZ (*ZEA MAYS* L.) DE TIPO FLINT, PORTADORAS DE SISTEMAS DE LETALES BALANCEADOS

Magnago M. D.,¹ A. M. Pardo,¹ M. V. Kandus,² D. Almorza,³ R. Boggio Ronceros,⁴ J. C. Salerno²

¹ Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNAM, Misiones.

magnagomarcos@yahoo.com.ar

² Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Castelar.

³ Universidad de Cádiz, España.

⁴ Facultad de Agronomía, UNCPBA, Buenos Aires.

El maíz flint tiene características favorables para la industria de molienda seca y la industria avícola. La semilla es menos costosa que la de híbridos de última generación, lo que incentiva su uso en zonas fuera de la

zona típica maicera. Es conocido que el patrón heterótico de los tipos dentados y las cruza flint x dentado son las más utilizadas en la producción de semilla. Sin embargo, los patrones heteróticos para cruza flint x flint no se encuentran muy definidos. El objetivo de este trabajo fue determinar la aptitud combinatoria específica (ACE) de cruza flint x flint. Se cruzaron cuatro líneas portadoras de "BLS" (Sistema de Letales Balanceados) y una línea "Normal" (sin BLS), mediante cruzamientos dialélicos. Se evaluó el rendimiento por planta de los híbridos obtenidos y sus líneas progenitoras, por separado, durante dos años. El rendimiento promedio de las líneas BLS fue considerablemente superior al de la línea "Normal", pero no se detectaron diferencias de rendimiento entre el grupo BLS-BLS y BLS-Normal. En el primer año los efectos de la aptitud combinatoria general (ACG) y de la ACE fueron significativos, mientras que en el segundo año se observaron efectos significativos sólo de la ACE. Las líneas BLS12 y BLS91 presentaron mayor ACG contrariamente a la LP521, que mostró ACG negativa. Los híbridos de alta ACE en ambos años fueron tanto de tipo BLS-BLS como BLS-Normal. Teniendo en cuenta ambos años, las combinaciones con alta ACE rindieron un 15% más que la media de las de baja ACE.

GMV 34

EFFECTO DE LA SELECCIÓN PARA EL AUMENTO Y DISMINUCIÓN DEL PESO DE SEMILLAS EN *PANICUM COLORATUM* VAR. *MAKARIKARIENSIS*

Giordano M. C., N. S. Dreher, L. V. Armando, M. A. Tomás

INTA EEA Rafaela, Pcia. de Santa Fe.
matomas@rafaela.inta.gov.ar

Dentro del programa de mejoramiento genético de *Panicum coloratum* de la EEA Rafaela-INTA, se realizaron ciclos de selección recurrente para aumentar y disminuir el peso de semillas, aplicando una intensidad de selección del 15%. En todas las plantas se registró el peso de 20 semillas (PS20). La

población base del año 2007 (PB-2007) estuvo constituida por 84 plantas, cuyo PS20 fue 24,26 mg. (desvío=2,45mg). En cada ciclo de selección se utilizó un diseño en bloques completos al azar. Los PS20 del primer (SP₁-2008) y segundo ciclo (SP₂-2009) de selección para semillas pesadas fueron 26,87 mg (desvío=2,4mg) y 27,46 mg (desvío=1,85mg), respectivamente. Esto representa un aumento en el peso del 11% (p<0,001) y del 2% (p>0,05) para SP₁-2008 y SP₂-2009, respectivamente. La heredabilidad realizada en el primer ciclo fue 0,68. El PS20 de la selección para semillas livianas (SL) no pudo medirse en 2008. El PS20 de SL-2009 fue 24,16 mg (desvío=1,95mg) sin diferencias significativas (p>0,05) respecto de PB-2007. En el año 2009 también se registraron los pesos de la PB y de SP₁, resultando 23,50 mg (desvío=1,67mg) y 26,24 mg (desvío=2,17mg), respectivamente. Para relativizar el efecto de la variabilidad climática interanual sobre el peso de semillas, se compararon los pesos de PB-2009, SP₁-2009, SP₂-2009 y SL-2009 mediante ANAVA y test de Tukey, detectándose diferencias significativas entre PB y SP₁, PB y SP₂ y SP₁ y SP₂. Se concluye que la selección sería efectiva para incrementar el peso de semillas pero no se encontraron evidencias de su efectividad para disminuirlo.

GMV 35

PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES ASOCIADOS A LA PRODUCCIÓN DE SEMILLA Y MATERIA SECA EN CEBADILLA CRIOLLA (*BROMUS CATHARTICUS* VAHL.)

Fedyszak P.,¹ M. Alicino,¹ L. Ferrari,² M. Arturi¹

¹ Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. mbaulicino@yahoo.com

² Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora.

En el marco de un programa de selección y mejoramiento de variedades de cebadilla criolla (*Bromus catharticus* Vahl), se evaluaron caracteres agronómicos relacio-

nados con la producción de materia seca y de semilla sobre poblaciones recolectadas en 7 localidades de la provincia de Buenos Aires durante el verano de 2006. Las mismas fueron medidas en un mismo ambiente (campo experimental de la localidad de Llavallol) durante 3 años consecutivos, empleándose un diseño de bloques al azar con 3 repeticiones. Se midieron 26 caracteres sobre macollos muestreados en distintos estadios fenológicos (estadio vegetativo, floración y madurez fisiológica). Algunas variables fueron transformadas para cumplir con los supuestos de homoscedacia y normalidad. Se realizó un análisis combinado de la varianza que permitió estimar las magnitudes de los componentes de la varianza fenotípica (varianzas genéticas, ambientales y de interacción G*A). Además se calculó la heredabilidad en sentido amplio para cada una de las variables en estudio. El modelo empleado reveló un efecto ambiental importante y significativo para la mayoría de los caracteres evaluados, con excepción del hábito de crecimiento y del número de flores por espiguilla. Para ciertos caracteres tales como longitud de panoja, número de espiguillas por espiga, diámetro de internudo y número de panojas por planta, se halló una interacción genotipo-ambiente significativa. Los elevados valores de varianza ambiental indican una alta plasticidad fenotípica de las poblaciones, sin embargo, la alta variabilidad genética y heredabilidad encontrada para un gran número de caracteres relacionados con la producción de materia seca y de semilla, aseguraría un avance genético rápido durante el proceso de selección de nuevas variedades altamente productivas.

GMV 36

CARACTERIZACION DE LA RESPUESTA HIPERSENSIBLE EN POMELO DUNCAN DE UN FRAGMENTO DE *XANTHOMONAS AXONOPODIS PVCITRI* GRUPO C

Rinsdahl-Canavosio M. A.,^{1,2} G. Minsavage,³ J. B. Jones,³ R. E. Stall,³ A. Gochez,¹ A. A. Vojnov,² B. I. Canteros¹

¹ Estación Experimental Agrop. Bella Vista, INTA Bella Vista, Corrientes, Arg.

mrinsdahl@correo.inta.gov.ar

² Instituto de Ciencia y Tecnología Dr. Cesar Milstein, Buenos Aires, Arg.

³ Dep. of Plant Pathology, University of Florida, USA.

La reacción de hipersensibilidad (HR) es un tipo de respuesta de defensa de las plantas frente a patógenos. Una manifestación temprana medible de la HR es mediante la cuantificación de la pérdida de electrolitos luego de la inoculación de altas concentraciones de la bacteria inductora de HR. El objetivo de este trabajo fue clonar un fragmento de ADN que codificara la HR obtenida cuando se inoculaba una cepa de *Xanthomonas axonopodis* grupo C (sin.: *Xanthomonas fuscans* subsp. *aurantifolii*) en pomelo (*Citrus paradisi* Macf.) y caracterizarla mediante la pérdida de electrolitos. Una biblioteca genómica de la cepa del grupo C Xac-C-1965 fue construida en el vector pLAFR3 en *Escherichia coli* en la Universidad de Florida. Fue transferida en masa a la cepa Xv-91-118 de *X. perforans*. Los transconjugantes fueron inoculados en hojas jóvenes de pomelo Duncan. La bacteria receptora es patógena de tomate, pero causa una reacción nula en hojas de pomelo. Se detectó un clon con un inserto de 25 kb, el pL351, que produce HR en pomelo tal como la cepa original. Un fragmento *BamHI* de 5,5 kb fue subclonado en pLAFR3. Este fragmento también reprodujo HR. Los resultados del análisis de la pérdida de electrolitos en hojas de pomelo inoculado con todas las cepas permitieron caracterizar a la reacción como una hipersensibilidad causada por un gen de avirulencia en la bacteria que interacciona con un gen de resistencia en el pomelo.

GMV 37

EFFECTO DE LA DEFOLIACIÓN SOBRE LA SINCRONÍA FLORAL EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ

Piñol M. A.,¹ M. A. Ibañez,¹ M. A. Di Renzo,¹ N. C. Bonamico,¹ P. Mayor²

¹ FAV, UNRC, 5800 Río Cuarto, Córdoba.

pinolmarian@gmail.com

² SYNGENTA SEEDS S.A Planta Santa Isabel, 2600 Santa Isabel, Santa Fe.

La producción de semilla híbrida de maíz por unidad de área, depende de la cantidad de polen y de la sincronía entre la floración masculina y femenina de las líneas. El objetivo de este trabajo fue evaluar la sincronía floral en líneas endocriadas de maíz sometidas a distintos niveles de defoliación en dos fechas de siembra. En la localidad de Santa Isabel se evaluaron treinta y siete líneas provenientes de Argentina, Brasil y Estados Unidos, en un diseño en parcelas sub-subdivididas. Los tres niveles de defoliación fueron: sin corte, con cortes del 60 y 100% del área foliar y los caracteres evaluados: número de días transcurridos desde que el 10, 50 y 100% del total de las plantas presentaron floración masculina y femenina. Con estas variables se estimó el intervalo antesis-estigma (IAE). Los resultados mostraron diferencias altamente significativas entre los distintos orígenes y entre las líneas dentro de cada origen para el 10, 50 y 100% de floración. Las fechas de siembra no afectaron significativamente el IAE; los niveles de defoliación removiendo el 60 y 100% del área foliar aumentaron la asincronía floral en líneas de origen brasileño; las líneas de origen argentino y estadounidense presentaron mayor sincronía floral removiendo el 60% del área foliar independiente del momento de floración. La diferencia de respuestas a la defoliación en líneas de distintos orígenes permite seleccionar los genotipos con mayor sincronía floral para facilitar la posterior producción de semilla comercial.

GMV 38

SELECCIÓN DE MARCADORES MICROSATELITES EN UNA POBLACIÓN SEGREGANTE DE *CYNARA CARDUNCULUS*

Martin E. A.,¹ E. J. Acquaviva,² V. P. Cravero,¹ M. A. Espósito,² I. Crippa,² E. L. Cointry²

¹ Conicet. emartin@unr.edu.ar

² Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Fac. de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

La especie *Cynara cardunculus* está formada por tres variedades botánicas: *scolymus* (alcaucil o alcachofa); *cardunculus* (cardo cultivado) y *silvestrys* (cardo silvestre), todas ellas alógamas. Dichas variedades son utilizadas para consumo humano, como forraje para consumo animal, producción de aceites y para la industria farmacéutica. En la actualidad se han desarrollado un número limitado de marcadores microsatélites para dicha especie. A fin de determinar cuáles de estos marcadores pudieran resultar informativos al momento de desarrollar una mapa genético de este género, se realizó el cruzamiento entre un cardo silvestre local, como progenitor femenino, y la variedad de alcaucil "Estrella del Sur", obtenida a partir del programa de mejoramiento de la Facultad de Ciencias Agrarias (UNR), como progenitor masculino, utilizando la estrategia de pseudo test-cross. Se obtuvieron 106 plantas F1. Ambos parentales y 10 de las plantas F1 fueron sometidos a análisis con 34 microsatélites de manera de seleccionar un grupo de marcadores que se encuentren distribuidos uniformemente en el genoma y presenten polimorfismo entre los progenitores. De dicho análisis se determinó al marcador Celms-30 como el más apropiado para realizar la prueba de progenie para dicho cruzamiento y mediante el mismo se pudieron identificar 94 plantas para constituir la población de mapeo. A partir del análisis de los perfiles moleculares obtenidos para los restantes 33 microsatélites, se seleccionó un grupo de los mismos basándose en los criterios previamente citados, de manera de poder utilizarlos para desarrollar un

mapa genético de la especie *Cynara cardunculus*.

GMV 39

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA EN EL CULTIVAR DE TRIGO *BUCK PONCHO*

Darino M. A., M. V. López, M. F. Pergolesi, M. J. Dieguez, L. R. Ingala, F. Sacco

Instituto de Genética "Ewald A. Favret" CICVyA, CNIA, INTA, CC25 1712, Castelar.

martin.a.darino@gmail.com.

La roya de la hoja del trigo, causada por el hongo biótrofo *Puccinia triticina*, es una enfermedad que ocasiona graves pérdidas económicas. La población del patógeno posee una enorme variabilidad que le permite adaptarse a la resistencia de los nuevos cultivares comerciales. Sin embargo existen variedades conocidas como portadoras de resistencia durable que no presentan niveles importantes de infección aún luego de alcanzar gran difusión. Un ejemplo es la variedad *Buck poncho*. Los genes determinantes de este tipo de resistencia son de interés para el mejoramiento. Este trabajo consiste en la identificación y caracterización de los genes de resistencia a roya en esta variedad, tanto de expresión en plántula como en planta adulta.

Se realizó un análisis genético mendeliano de la población F7 de líneas recombinantes homocigotas de la variedad Buck Poncho X la línea susceptible Purplestraw, realizando infecciones con 5 razas de roya en plántula y planta adulta. Se utilizó la metodología de "bulk segregant analysis" (Análisis de Grupos Segregantes) para localizar marcadores moleculares de AFLP asociados a los genes de resistencia identificados. Se identificaron al menos 4 genes de resistencia (2 en plántula y 2 en planta adulta) y se encontró un marcador AFLP a 3.2cM de uno de los genes detectados en plántula. Debido a que este marcador está presente en *Triticum monoccocum*, se postula que dicho gen se encuentra en el genoma A. Es necesario conti-

nuar con la caracterización del resto de los genes encontrados.

GMV 40

FLUJO GÉNICO EN PAPA A NIVEL DE CAMPO

Capurro M. A.,¹ E. L. Camadro^{1,2}

¹ CONICET.

² EEA Balcarce, INTA- Fac. Cs. Agrarias, UNMar del Plata, Balcarce, Pcia. de Buenos Aires. ecamadro@balcarce.inta.gov.ar

En plantas, el flujo génico (movimiento de genes entre poblaciones) puede ocurrir a través de los gametos o por el movimiento de individuos o de sus órganos de reproducción. Este proceso es muy relevante en la evolución de poblaciones y para la liberación a campo de OGM. En Argentina se realizan ensayos de campo con papas transgénicas, pero no se dispone de datos locales. Por eso, el objetivo de este trabajo fue medir el flujo génico entre cultivares de la papa común, *Solanum tuberosum* L., en condiciones de campo. Se plantó un ensayo en forma radial, con el cv. Huinkul (androfértil, donante de polen) en el centro, en un cuadrado de 5 m de lado, y el cv. Spunta (androestértil, receptor de polen) en la periferia, en círculos concéntricos a 15, 25, 35 y 45 m del centro. Para sincronizar la floración, se plantaron ambos cultivares en varias fechas. Durante la floración se recopilaron datos meteorológicos y de actividad de insectos polinizadores. Se obtuvieron 115 bayas (en todos los cuadrantes), de las cuales solo tres tuvieron semillas (18 a 22), dos a 40 m de la fuente de polen (cuadrantes Este y Oeste) y una a 30 m (cuadrante Este). Se extrajo ADN de las plántulas obtenidas para comprobar la naturaleza híbrida de las mismas mediante marcadores microsatélites, fase que está en ejecución. Estos serían los primeros resultados sobre flujo génico obtenidos en el país y sentarían las bases para estudios similares entre la especie cultivada y sus parientes silvestres.

GMV 41

SELECCIÓN RECURRENTE PARA RENDIMIENTO EN UNA POBLACIÓN SEMIDENTADA SEMIPRECOZ DE MAÍZ (ZEA MAYS, L)

Appendino L. M.,¹ R. D. Lorea,^{1,2} P. Rossi,¹ G. H. Eyhérabide,² D. A. Presello²

¹ Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Cátedra de Genética General, Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales. lucas_appendino5@hotmail.com

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Estación Experimental Agropecuaria Pergamino. CC31 Pergamino 2700.

La selección recurrente (SR) busca incrementar gradualmente la frecuencia de alelos favorables en caracteres de herencia cuantitativa, explotando en mayor grado la varianza aditiva, mejorando la media poblacional *per se*, manteniendo la variabilidad genética, e incrementando la probabilidad de desarrollar híbridos superiores. Nuestro objetivo fue evaluar la eficiencia del proceso de SR al que fue sometida una población de maíz semidentado semiprecoz (SDSP). La población SDSP fue sometida a un ciclo de SR con evaluación de familias de medios hermanos. Durante la campaña 2007-2008, en la EEA INTA Pergamino, las poblaciones generadas antes y después de la SR (SDSP-C0 y SDSP-C1) fueron cruzadas con una línea endocríada dentada (LP2542). En 2008-2009 se evaluaron en ECR la performance *per se* de SDSP-C0 y SDSP-C1, y sus combinaciones con la línea dentada (SDSP-C0 x LP2542) y (SDSP-C1 x LP2542). Se analizaron componentes de rendimiento, precocidad y calidad de caña. Se realizó un ANOVA por variable y se calculó el progreso logrado. Al analizar las poblaciones *per se* hubo diferencias significativas sólo en el peso de mil semillas y peso de espigas, con un progreso de 8.24 % y 15.48 % respectivamente. Al evaluar las combinaciones se encontró un progreso del 9.32 % en el rendimiento en grano. La selección fue efectiva en la acumulación de alelos favorables en las poblaciones para algunas variables determinantes del rendi-

miento. El progreso observado en las mismas sugiere la existencia de variabilidad genética en la población que permitiría continuar con el mejoramiento de esas características.

GMV 42

VARIABILIDAD DEL COMPORTAMIENTO DE LA GERMINACION Y PORCENTAJE DE SEMILLA DURA, ENTRE POBLACIONES NATURALES DE *LOTUS TENUIS*

Entío L. J.,^{1,2} H. Casalla,¹ M. L. Bravo,¹ M. M. Mujica^{1,3}

¹ Area Mejoramiento Genético, Fac. de Cs. Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata.

² Becario CIC-PBA.

³ Dirección de Transferecia de Tecnología MAA Pcia. de Buenos Aires. E-mail: mejoramientogenetico@agro.unlp.edu.ar

La capacidad germinativa potencial y la cantidad de semillas impermeables son caracteres importantes en la mejora genética de *Lotus tenuis* orientada a aumentar la productividad de los pastizales. El objetivo fue evaluar la variabilidad del comportamiento de la germinación y el porcentaje de semilla dura entre poblaciones naturales de *Lotus tenuis*. Se ensayaron en germinadores muestras de semillas escarificadas y no escarificadas de 15 poblaciones naturales colectadas en la Cuenca del Salado en 2008. El diseño experimental fue bloques completos al azar con 4 repeticiones. El régimen térmico durante los 9 días del ensayo fue $18,04 \pm 1^\circ\text{C}$ y $16,6^\circ\text{C} \pm 0,9^\circ\text{C}$ de $t^\circ\text{Max}$ y $t^\circ\text{Min}$ medias, respectivamente. Siendo éstas los tres primeros días $21,6 \pm 0,4^\circ\text{C}$ y $19,5^\circ\text{C} \pm 0,2^\circ\text{C}$. Se determinó: germinación acumulada (GAC), vigor germinativo (IVG), el tiempo hasta el 50% de germinación (T_{50}) y el porcentaje de semillas duras (%SD). Se aplicó ANVA y el test de Tukey para comparar medias. Considerando la varianza del error experimental (VE) estimador de la varianza ambiental, se determinó la varianza genética (VG) y heredabilidad en sentido amplio (h_{2a}), siendo $h_{2a} = VG / (VG + VE / r)$ y $r = n^\circ$ de repeticiones. Se encontraron diferencias entre poblaciones

para: GAc ($p < 0,05$; $p < 0,01$), T_{50} ($p < 0,05$), %SD ($p < 0,05$; $p < 0,01$); aunque no para IVG. La h^2_a fue: 85%, 77% y 74% para GAc, T_{50} , y %SD, respectivamente. Existe variabilidad entre poblaciones para GAc, T_{50} y %SD. La h^2_a para estos caracteres presenta valores altos atribuibles, en buena medida, a las condiciones semicontroladas del ensayo, bajo las cuales sería promisorio la selección entre poblaciones.

GMV 43

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE CLONES DEL ALGARROBO BLANCO *PROSOPIS ALBA* CON ALTA PRODUCCIÓN DE VAINAS DULCES Y RESISTENCIA A LA SALINIDAD

Roser L. G.,¹ L. I. Ferreyra,¹ J. C. Vilardi,¹ L. E. Paulin,¹ M. Ewens,² B. O. Saidman¹

¹ Laboratorio de Genética, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, Universidad de Buenos Aires. saidman@ege.fcen.uba.ar

² Estación Experimental Fernández, Departamento de Robles, Santiago del Estero, Argentina.

P. alba es un árbol fijador de nitrógeno adaptado a las regiones semiáridas del NE argentino que se utiliza para producir madera, combustible, forraje y alimentos. En los últimos años se obtuvieron clones de árboles seleccionados para alta producción de vainas, altura, resistencia a la salinidad y crecimiento. Estos clones podrían ser árboles semilleros destinados a reforestación. Felker y col., (2001), obtuvieron 12 clones con calidad de fruto mejorada. En otro ensayo, Velarde y col., (2003), obtuvieron 20 clones seleccionados para tolerancia a la salinidad. El objetivo de este trabajo fue caracterizar genéticamente mediante la técnica ISSR los diferentes clones y evaluar la efectividad de estos marcadores para diferenciar los grupos seleccionados. Se compararon los patrones de 58 loci polimórficos entre los diferentes clones. Mediante un análisis discriminante de correspondencias se analizaron 12 clones que pudieron separarse en 3 grupos que coinciden con los criterios de sabor de fruto: dulce (D), muy dulce (M) y no seleccionados (ns). Este análisis también diferenció eficien-

temente, en 4 grupos, los clones en función de su crecimiento en condiciones de salinidad: alto (A), medio (M) y bajo (B), y no seleccionados (ns). El análisis permitió determinar la calidad de los distintos loci en función con su capacidad para discriminar los grupos de clones, indicando que esta metodología sería eficiente para su caracterización.

GMV 44

ANÁLISIS GENÉTICO PARA CARACTERES DEL FRUTO EN UNA POBLACIÓN F_2 DE *SOLANUM* SPP DERIVADA POR CRUZAMIENTO DE DOS LÍNEAS ENDOCRIADAS (RILS)

Liberatti D. R.,^{*1,4} S. L. Mahuad,^{*2,4} E. Marchionni Basté,^{*1,4} G. R. Rodríguez,⁴ G. R. Pratta,^{1,4} R. Zorzoli,^{3,4} L. A. Picardi^{3,4}

¹ CONICET. dliberat@unreduar

² FONCyT.

³ CIUNR.

⁴ Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Pcia. de Santa Fe.

* *Ex-aequo*.

La creación de poblaciones base es el punto de partida en los programas de mejoramiento. Se generó una población F_2 de un cruzamiento entre dos RILs de tomate: ToUNR15xToUNR9. Para evaluar nuevas combinaciones genéticas se estimaron parámetros genéticos en distintos caracteres productivos. En 1755 frutos de estas líneas, la F_1 y la F_2 se evaluaron: Altura (A, cm), Diámetro (D, cm), Forma (F: A/D), Peso (P, g) y Vida poscosecha (Vp, días). Se estimaron grado de determinación genética (GDG), acciones genéticas y correlaciones fenotípicas (r_f) y genéticas (r_g) entre estos caracteres. Los valores medios fueron para A: $1,74 \pm 0,30$; $2,71 \pm 0,30$; $2,53 \pm 0,36$ y $2,38 \pm 0,40$; para D: $1,95 \pm 0,34$; $3,19 \pm 0,48$; $2,85 \pm 0,46$; $2,66 \pm 0,49$; para F: $0,90 \pm 0,04$; $0,86 \pm 0,07$; $0,90 \pm 0,04$; $0,91 \pm 0,08$; para P: $4,33 \pm 2,33$; $16,90 \pm 5,61$; $12,98 \pm 6,21$; $10,78 \pm 5,84$ y para Vp: $15,36 \pm 2,13$; $15,09 \pm 3,64$; $16,40 \pm 2,30$; $16,17 \pm 5,73$ en ToUNR9,

ToUNR15, F_1 y F_2 , respectivamente. El menor valor de GDG fue 0,26 para P y para F y V_p fue 0,76. Las r_f fueron significativas ($p < 0,01$), excepto para V_p -F. Entre ellas, r_f fue -0,45 entre D-F y 0,97 entre D-P. Las r_g variaron de -0,67 entre F-P a 1,0 entre D-P. No se encontraron valores significativos en r_g entre V_p y los restantes caracteres. En esta población base la acción génica predominante fue de dominancia completa de ToUNR15, excepto para F y V_p . Para estos caracteres los progenitores no difirieron, aunque fueron los que presentaron la mayor proporción de variancia genética en la F_2 . Además V_p sería independiente de la forma, el tamaño y el peso que alcancen los frutos.

GMV 45

VARIABILIDAD GENÉTICA EN CARACTERES DE CRECIMIENTO DE PROGENIES DE *JATROPHA CURCAS*

Fernandes K. H. P.,¹ E. C. Palomino,¹ H. M. Saturnino,² C. S. Pinto,¹ E. S. Mori¹

¹ Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista (UNESP), São Paulo, Brasil. kairofernandes@yahoo.com.br

² Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), Minas Gerais, Brasil.

Diferentes países tratan de participar del nuevo mercado de energías alternativas al petróleo. En este mercado, los países latinoamericanos son vistos como futuros oferentes de biocombustibles. En el Brasil, entre las especies con potencial productivo de aceite para biodiesel se destaca el piñón manso (*Jatropha curcas* L.). Es una especie perenne, de rápido crecimiento, buena cantidad de aceite y alto rendimiento por hectárea. Una manera de contribuir con la expansión del cultivo es la obtención de variedades mejoradas. El trabajo tuvo como objetivo seleccionar progenies de *J. curcas* con las mejores características para crecimiento, altura y diámetro, priorizando la adaptación de la especie en ambiente donde tradicionalmente no se cultiva. Fueron utilizadas semillas pertenecientes al acervo genético de la investigadora Heloisa Saturnino en la Epa-

mig, Minas Gerais, Brasil. El experimento de evaluación de progenies fue implantado en un diseño de bloques al azar con 31 tratamientos, tres repeticiones y ocho plantas por parcela. Los parámetros genéticos fueron estimados utilizando el software SELEGEN. Las medias de la altura y diámetro, en centímetros, fueron de 63,0 y 3,8; con un año de edad. Las estimativas de heredabilidad y del coeficiente de variación genética para los caracteres fueron: (0,31; 29%) altura; (0,47; 22%) diámetro. Las progenies presentaron importante variabilidad genética para la adaptación a ambientes no tradicionales de nuevas variedades y para avanzar en el programa de mejoramiento.

GMV 46

SELECCIÓN ASISTIDA CON MARCADORES MICROSATÉLITES PARA LA INTROGRESIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A *PHYRICULARIA GRISEA* EN ARROZ (*ORYZA SATIVA*)

Colazo J. L., A. B. Livore, F. Cattaneo

Laboratorio de Biotecnología de Arroz. EEA-INTA Concepción del Uruguay.

jcolazo@concepcion.inta.gov.ar

La enfermedad del quemado de arroz (*P. grisea*) es la limitante más importante en la producción de arroz en América Latina. Una estrategia para su control es piramidizar genes de resistencia que otorguen un amplio rango de protección en contra de las diferentes razas del patógeno. El objetivo del siguiente trabajo fue seleccionar un genotipo con 2 genes de resistencia a *P. grisea* y el fondo genético más similar al cultivar Epagri 108. Se evaluaron 91 microsatélites entre las líneas CT 13432 (padre donante) y Ep. 108 para analizar las relaciones genéticas y encontrar secuencias polimórficas entre ambos. Se partió de una población F_4 de 125 plantas derivada del cruzamiento CT 13432 x Ep. 108. Se seleccionó un genotipo con los genes de resistencia P_i-1 y P_i-2 en estado homocigota usando secuencias microsatélites altamente ligadas a los genes. Posteriormente, se analizaron 23 F_5 con 40 secuencias

microsatélites polimórficas entre ambos padres para realizar la selección del fondo genético. Las distancias genéticas entre los diferentes genotipos se calcularon usando el coeficiente de similitud de Simple Matching. De las 125 plantas F_4 examinadas se identificó un solo genotipo denominado 41-3 con los genes P_{i-1} y P_{i-2} en estado homocigota. El análisis de la F_5 con 17 microsatélites polimórficos reveló fondos genéticos con un rango de similitud genética de 82 a 89% con Ep. 108. Se seleccionaron los genotipos 41-3-7 y 14 y se analizaron 22 microsatélites polimórficos obteniéndose una similitud genética de 88% con Ep. 108 y los genes en estado homocigota.

GMV 47

CARACTERIZACIÓN DE UNA RETROCRUZA DE UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE POR ATRIBUTOS POSCOSECHA DE LOS FRUTOS

Pereira da Costa J. H.,^{1,4} G. R. Rodriguez,⁴ G. R. Pratta,^{2,4} R. Zorzoli,^{3,4} L. A. Picardi^{3,4}

¹ FONCyT. jpereira@unr.edu.ar

² CONICET.

³ CIUNR.

⁴ Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Pcia. de Santa Fe.

El uso de genotipos exóticos en programas de mejoramiento permite transferir nuevos genes no presentes en el germoplasma comercial y en consecuencia ampliar la base genética de las poblaciones a mejorar. Para caracterizar los frutos de una generación segregante BC_1 obtenida del cruzamiento entre la cultivar Caimanta (Cai) de *Solanum lycopersicum* (padre recurrente) y la entrada LA722 de *S. pimpinellifolium* se evaluaron 10 plantas de cada progenitor y la F_1 y 65 plantas BC_1 en un diseño completamente aleatorizado. En 465 frutos cosechados al estado rojo maduro se evaluaron: sólidos solubles (SS), pH, acidez titulable (At), color (a través de L: porcentaje de reflectancia y a/b: índice cromático), firmeza (F) y el cociente SS/At. Los promedios de estos caracte-

res entre los progenitores y la F_1 se compararon por *t* de Student y se calcularon los grados de dominancia. Se encontró sobredominancia para SS y L, aditividad para F y SS/At, dominancia completa hacia LA722 para a/b y dominancia parcial hacia Cai para At. No hubo diferencias significativas para pH entre los progenitores y la F_1 . La distribución de frecuencias de individuos BC_1 coincidió con lo esperado según los grados de dominancia. La variancia genética estimada por ANOVA entre plantas de esta generación fue significativa para todos los caracteres, excepto para pH. Los parámetros genéticos (grados de dominancia y variancia genética) estimados en esta generación segregante de tomate demuestran el valioso aporte del germoplasma exótico para mejorar atributos que confieren calidad al fruto en la poscosecha.

GMV 48

ANÁLISIS DE LA ANTIBIOSIS A *SIPHA MAYDIS* EN CULTIVARES COMERCIALES ARGENTINOS DE TRIGO

Saldúa V. L.,^{1,2,3} F. J. Ezquiaga, D. O. Gimenez,³ A. M. Castro^{1,2,3}

¹ Cát. de Genética, Fac. Cs. Agrarias y Ftiles, UNLP.

² CONICET.

³ INFIVE, UNLP, CC31, 1900, La Plata.
amcastro@isis.unlp.edu.ar

Al cultivo trigo se encuentran asociadas varias especies de áfidos, entre ellos *Sipha maydis*. Desde su primera aparición en el país en el año 2002 se ha expandido rápidamente por todo el territorio. Dado que no existe ninguna información sobre el nivel de resistencia de los cultivares argentinos, el presente trabajo tiene por objetivo analizar el nivel de antibiosis de 20 cultivares comerciales frente a una población de *S. maydis*, proveniente de 35 localidades de nuestro país.

Se aisló una ninfa neonata para analizar su ciclo en cada planta de los cultivares. Se registraron los siguientes parámetros: d (período desde el nacimiento hasta el estado

reproductivo), Md (cantidad de ninfas nacidas en un periodo igual a d), L (longevidad desde el nacimiento hasta terminar el estado reproductivo), F (la fertilidad total), Pr (período reproductivo), rm (Tasa intrínseca de incremento poblacional). Se analizaron los resultados mediante el paquete estadístico SAS.

Siete cultivares se comportaron como no antibióticos, otros 9 resultaron con un nivel medio de antibiosis. Sólo el 20 % de los cultivares presentaron una elevada Antibiosis. Uno de ellos afectó el ciclo de desarrollo, incrementando el período entre dos generaciones sucesivas (d), redujo la fertilidad y la longevidad, en consecuencia el rm. Los otros tres afectaron la fertilidad, sólo uno disminuyó Md y dos cultivares acortaron el Pr. La variabilidad genética encontrada para este mecanismo estuvo asociada al origen del cultivar.

GMV 49

BUSQUEDA DE TOLERANCIA A ESTRÉS HÍDRICO EN FLORACIÓN EN *HELIANTHUS ANNUUS* L. NATURALIZADO DE ARGENTINA

Fernandez Moroni I.,¹ A. Presotto,^{1,2} M. Poverene,¹ M. Cantamutto¹

¹ Depto. de Agronomía, UN del Sur.

fernandez_ivana@yahoo.com.ar

² CERZOS-CONICET 8000 Bahía Blanca.

El desplazamiento del girasol hacia agroecosistemas marginales de Argentina ha aumentado el interés en obtener genotipos con adaptación a sequía durante la floración. Se exploró la presencia de atributos vinculados con tolerancia a estrés en cinco accesiones de girasol silvestre recolectadas en ambientes semiáridos de Argentina, sus cruza con HA89, la línea HA89B y el híbrido DK4000. Se realizaron dos condiciones hídricas aplicando riego por goteo hasta cubrir el 50% (sequía) y 100% de la evapotranspiración potencial durante la floración. El diseño empleado fue en bloques al azar con tres repeticiones de diez plantas. Se midió la diferencia entre la temperatura de la

hoja y del aire (ΔT), turgencia relativa (TR), peso seco por unidad de superficie foliar (PS) e índice de verdor (IV). Considerando conjuntamente todos los genotipos, el estrés hídrico disminuyó ΔT ($>21.6\%$) y TR ($>3.2\%$), mientras que aumentaron IV ($>3,0\%$) y PS ($>8.4\%$), a excepción de HA89B y DK4000 que el PS no varió. Los girasoles silvestres mostraron mayor tolerancia a la sequía, superando a HA89B y DK4000 en PS y TR ($>30\%$), IV ($>6\%$) y ΔT ($>9\%$). Varias accesiones silvestres tuvieron mayor TR que DK4000, pero ninguna se diferenció por ΔT . El ΔT alcanzó -8.8°C en Adolfo Alsina, pero su cruza con HA89 no se destacó por este parámetro. Aunque no se detectó un genotipo silvestre consistentemente superior se comprobó la validez de los parámetros utilizados para evaluar la respuesta a estrés, manteniéndose la potencialidad del germoplasma argentino como recurso para la mejora del girasol.

GMV 50

ANÁLISIS DIALÉLICO DE VARIEDADES INTA DE ALGODÓN (*GOSSYPIMUM HIRSUTUM* L.)

Gomez G. M.

EEA INTA Sáenz Peña, Presidencia Roque Sáenz Peña, Chaco. ggomez@chaco.inta.gov.ar

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el potencial genético de trece variedades de algodón para ser utilizadas en el programa de desarrollo de variedades INTA. En la campaña agrícola 2007/8 se evaluaron 40 combinaciones híbridas derivadas de cruzamientos de un dialélico parcial 5x8 con un diseño experimental completamente aleatorizado con tres repeticiones. El primer grupo incluyó 5 variedades INTA (Guazuncho 3, Porá, Gringo, OroBlanco 2 y Cacique) y el segundo grupo incluyó 8 variedades (Stoneville 474, Deltapine 4049, Deltapine 4028, Coodetec 404, Coodetec 402, IAN 424, IAC 23 y Deltapine 447 Bt). Los efectos de la aptitud combinatoria general (ACG), en relación a la aptitud combinatoria específica (ACE), fueron predominantes para el porcen-

taje de fibra y longitud y resistencia de fibra. Los efectos de ACG sólo fueron significativos para el micronaire y la elongación de fibra mientras que para el índice de semilla y el peso promedio de capullo, tanto los efectos de ACG y ACE resultaron significativos. La variedad Guazuncho 3, adaptada a la región aldonera argentina, presentó efectos positivos de ACG para el porcentaje, resistencia y longitud de fibra. En contraste con el porcentaje de fibra, los efectos de ACG en la variedad Coodetec 404 fueron altos para los caracteres de resistencia y longitud de fibra. Así, en el programa de desarrollo de variedades INTA de algodón, el mejoramiento de los parámetros de calidad de fibra, índice de semilla, peso promedio de capullo y porcentaje de fibra será posible con la utilización de los materiales evaluados.

GMV 51

UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS A GENES DE INTERÉS AGRONÓMICO PARA CARACTERIZAR LA VARIABILIDAD GENÉTICA DEL GERMOPLASMA UTILIZADO EN EL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE TRIGO DEL INTA

Donaire G,¹ C. Bainotti,¹ J. Nisi,¹ M. Conde,² M. Helguera³

¹ Grupo Mejoramiento de Trigo, INTA EEA Marcos Juárez, Zona Rural, Pcia. de Córdoba.
gdonaire@mjuarez.inta.gov.ar

² Sección Estadística, INTA EEA Marcos Juárez, Zona Rural, Pcia. de Córdoba.

³ Laboratorio Biotecnología, INTA EEA Marcos Juárez, Zona Rural, Pcia. de Córdoba.

En todo programa de mejoramiento un factor clave para lograr ganancia genética es la disponibilidad de variabilidad genética. Una estrategia sencilla y eficiente de caracterizar parte de la variabilidad genética de un grupo de materiales, es a través de marcadores genéticos asociados a caracteres de interés agronómico. Con esta información es posible detectar combinaciones de genes dominantes de un programa, identificar genes de interés agronómico con escasa variabilidad y buscar

estrategias para revertir las problemáticas detectadas. Los objetivos de este trabajo fueron caracterizar la variabilidad genética del germoplasma utilizado en el Programa de Mejoramiento genético de trigo del INTA utilizando marcadores genéticos e identificar las combinaciones alélicas de genes de calidad y adaptación dominantes. Se caracterizaron 99 líneas avanzadas clasificadas según su ciclo vegetativo-reproductivo como largas (38), intermedias (32) y cortas (29). Sobre estas líneas se determinó la variabilidad genética presente en genes de proteínas de reserva (*Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*, secalinas) y adaptación (*Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*, *Ppd-D1*, *Rht-1B*, *Rht-1D*, *Rht-8*) utilizando marcadores moleculares. Mediante tablas de contingencia se detectaron diferencias significativas en frecuencia de alelos de proteínas de reserva entre ciclos solo en *Glu-B1* ($P=0.005$), los restantes genes no mostraron diferencias significativas ($P>0.05$). En adaptación, se observaron diferencias significativas en frecuencias de alelos entre ciclos para *Ppd-D1* ($P<0.0001$), *Rht-B1* ($P=0.004$), *Rht-D1* ($P=0.015$) y *Vrn-A1* ($P=0.014$). La detección de genes con diferencias significativas en frecuencias alélicas indicaría distintos criterios de selección entre los ciclos evaluados.

GMV 52

VALIDACIÓN DE UN CRITERIO DE SELECCIÓN PARA LA CALIDAD FORRAJERA EN AGROPIRO ALARGADO (*THINOPYRUM PONTICUM*) Y AGROPIRO INTERMEDIO (*T. INTERMEDIUM*)

Schrauf G. E.,¹ P. Rush,¹ M. L. Appendino,¹ G. Pérez Camargo,¹ S. Cardone,¹ J. P. Pellegrini,¹ L. Balbiani,¹ B. Rosso,² J. Carrete,² E. Pagano,³ P. Rimieri,² R. Ríos³

¹ Cátedra de Genética - Facultad de Agronomía UBA.
gschrauf@agro.uba.ar

² INTA Pergamino.

³ IGEAF-INTA Castelar.

Thinopyrum ponticum y *Thinopyrum intermedium* son forrajeras que muestran una deficiente calidad forrajera, especialmente durante el período estival. Se adjudican

como causas al cambio fenológico (floración) y a las altas temperaturas, ambas conducirían a un incremento en la proporción de fibra y lignificación de los tejidos. Resulta sumamente difícil separar entre ambas causas por coincidir temporalmente. Dentro de la colección de estas especies en el Banco de Germoplasma del INTA-Pergamino se hallaron plantas de las mismas accesiones que cumplían y no cumplían con los requerimientos para florecer bajo las condiciones ambientales del INTA Pergamino. La propagación vegetativa de dichas plantas en el campo experimental de la FAUBA permitió comparar diferencias en la producción (dividida en hojas y cañas) y calidad forrajera (FDN, FDA, digestibilidad) durante el período primavera-estival entre plantas que florecieron respecto de aquellas que no lo hicieron. La producción de biomasa fue mayor en las que florecieron. La calidad forrajera fue superior en todos los parámetros durante el período estival para las plantas que no florecieron especialmente en Agropiro alargado. Para esta especie la mayor parte de la caída en la calidad en el período estival fue adjudicable a los cambios fenológicos, mientras que para Agropiro intermedio las diferencias entre primavera y verano fueron menores así como entre florecidas y no florecidas. El utilizar a la manipulación de la floración como criterio de selección resultaría válido para Agropiro alargado. Se discuten alternativas de mejoramiento clásico y molecular para su aplicación en el mejoramiento de la calidad forrajera.

GMV 53

ESTUDIO DE CARACTERES DE INTERES AGRONÓMICO Y ANÁLISIS DE MARCADORES MOLECULARES EN UNA LÍNEA DE PRE MEJORA DE TOMATE

Caruso G., V. Broglio, M. Pocoví, E. Gilardón

Laboratorio de Marcadores Moleculares. Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta. gcaruso@unsa.edu.ar.

El Programa de Mejora de Tomate de la Facultad de Ciencias Naturales de la Univer-

sidad Nacional de Salta produjo líneas de pre mejora provenientes del cruzamiento interespecífico entre *Solanum lycopersicum* cultivar Uco Plata INTA y *S. habrochaites* (línea FCN3-5). La línea FCN13-1-6-1 presenta caracteres de interés agronómico como resistencia a insectos y caracteres de calidad de fruto. Con el objetivo de evaluar la base genética de diferentes características en esta línea se obtuvo una población segregante F2 (Uco Plata x FCN13-1-6-1). Los individuos parentales, F1 y F2 fueron evaluados para vida en estantería (VE), resistencia a mosca blanca y 130 marcadores SSR. Se evaluó la asociación de caracteres y marcadores a través de pruebas ANOVA y mapeo por intervalo simple. Con respecto a VE existen diferencias significativas ($p < 0.0001$) entre las medias de los parentales y la F2. La media de la población segregante no difiere de la del padre silvestre, lo que da una idea de efectos de dominancia de los genes aportados por el padre. Se estimó una heredabilidad en sentido amplio de 0.41. En la línea FCN13-1-6-1 se detectó un 2,94% de microsatélites provenientes de *S. habrochaites*. Los marcadores SSR555 y SSR214 (cromosoma IV) y SSR99 (cromosoma IX) están introgressados desde el padre silvestre. No se encontró asociación entre los microsatélites y los caracteres fenotípicos analizados. Es necesario aumentar el número de marcadores con el fin de saturar el genoma y detectar asociaciones con los QTLs responsables.

GMV 54

RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS EN GIRASOL: CRECIMIENTO AÉREO Y RADICAL EN PLÁNTULAS DE DISTINTOS GENOTIPOS

Breccia G., T. Vega, G. Nestares, R. Zorzoli, L. Picardi

Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, CC14 (S2125) Zavalla. gbreccia@unr.edu.ar

La resistencia a imidazolinonas (IMI-R) en girasol está controlada por un locus principal de acción semidominante y un segundo

locus con efecto modificador sobre el primero. El objetivo fue evaluar la IMI-R de 6 genotipos que difieren para estos dos loci en plántulas de 15 días. El material vegetal consistió en las líneas HA89, 1058-1 y HA425 (de genotipo susceptible, intermedio y resistente, respectivamente) y sus cruzamientos. Las plántulas se trataron con diferentes concentraciones de imazapir (0-1,25-2,5-5-7,5-10 mM). La incubación se realizó en condiciones controladas de temperatura y fotoperíodo. El diseño fue DBCA con 3 repeticiones de 10 plántulas para cada combinación de genotipo y dosis de herbicida. Se evaluó: área y longitud foliar, longitud de tallo, de raíz principal, de la raíz secundaria más larga y de la raíz principal que presenta raíces secundarias mayores a 5 mm. Los datos se analizaron por ANOVA y la prueba de comparación de medias de Tukey. Las plántulas de la línea HA89 obtenidas en presencia de imazapir mostraron raíces y tallo no elongados y ausencia de raíces secundarias y de hojas. Para la línea intermedia y los cruzamientos se observó una disminución significativa entre control y las diferentes concentraciones de herbicida. La línea resistente sólo se vio afectada en las concentraciones más altas de imazapir. Las variables de crecimiento radical constituyen parámetros biológicos útiles para la identificación de genotipos que portan los genes de resistencia. Se concluye que esta metodología posibilitaría una selección temprana de genotipos de girasol con diferentes grados de IMI-R.

GMV 55

EVALUACIÓN GENÉTICA DE LA EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA *IN VITRO* EN LÍNEAS DE MAÍZ CON BUENA APTITUD AGRONÓMICA

González G. A.,¹ D. M. Lewi,¹ C. A. Décima Oneto,¹ V. J. Etchart, J. C. Salerno,¹ M. V. Kandus,¹ G. Eyherabide,² D. Presello,² M. G. Pacheco¹

¹ Instituto de Genética, CICVyA, INTA Castelar.

ggonzalez@cnia.inta.gov.ar

² EEA Pergamino, INTA.

La capacidad embriogénica *in vitro* (CE) es genotipo-dependiente y es una condición para la transformación genética de maíz, que se basa en la recuperación de plantas fértiles a partir de explantes transformados. La CE implica la formación de callos embriogénicos que puedan mantenerse con sucesivos subcultivos y que presenten embrioides en su superficie (callos tipo II). Actualmente, se utiliza el genotipo HiII en los protocolos de transformación, ya que es altamente embriogénico y permite obtener un alto porcentaje de callos tipo II. HiII presenta mala aptitud agronómica, dificultando su manejo luego de la transformación. Los programas de mejoramiento de maíz del INTA desarrollan líneas con buena aptitud agronómica, las cuales tienen una variabilidad genética aún inexplorada en cuanto a su CE. El objetivo de este trabajo es evaluar la CE de aquellas líneas y analizar genes candidatos para este carácter. Con este fin se analizaron 50 líneas de maíz, obteniéndose nueve con respuesta positiva y 41 con respuesta negativa en cuanto a la formación de callos. De esas nueve, dos presentaron altos porcentajes de formación de callos tipo II, y las restantes desarrollaron callos tipo I (no friables). Se cuantificó además la formación de embriones somáticos maduros a partir de los callos formados, observándose una correlación entre el porcentaje de callos con respuesta positiva y el número de embriones somáticos maduros. Se determinó la capacidad germinativa de estos embriones, como así también la viabilidad de las plantas rege-

neradas. Asimismo, se identificaron en la literatura posibles genes candidatos y se está evaluando la variabilidad en la secuencia nucleotídica de los genes ZmLEC1, ZmSERK, Kn1 y ZmGST.

GMV 56

EFFECTO DEL ESTRÉS HIDRICO EN FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE AGROPIRO ALARGADO

Friguglietti L.,¹ I. Varea,² I. Ramírez,³ M. Acuña,⁴ A. Andres⁴

¹ Lic. Genética UNNOBA.

² Secyt-PID.

³ Lic. Genética UNaM.

⁴ INTA Pergamino-UNNOBA

aandres@pergamino.inta.gov.ar

El programa de mejoramiento genético de agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum* (Podp.) Berkw. Dewey) persigue la obtención de cultivares con persistencia productiva en ambientes restrictivos. El objetivo del presente estudio fue evaluar la variabilidad en el vigor de crecimiento de 157 familias en condiciones de restricción hídrica, en invernáculo. Las familias (80 geno/flia) fueron repicadas (10/6) a terrina rellena con suelo muy alcalino (pH 9,4; CE 3,74) en un DBCA (2 rep) y regadas hasta capacidad de campo (CC: 27%H; PMP: 11,6%H). A partir de esa fecha se suspendió el riego y las familias fueron sometidas a restricción hídrica durante 50 días. La humedad del suelo al 2/7 fue 13,2% y al 8/7 fue 10,8%. Se midió vigor de crecimiento (V1: malo...V4: muy bueno) en 4 fechas (18/6; 2/7; 10/7; 15/7) y área foliar (AF) y número de hojas (NH) al finalizar el estudio (30/7) en 39 flias sobrevivientes. La información se analizó mediante procedimiento ANOVA y PROC-CLUSTER del Sistema SAS. Se realizó comparación de medias y se estimó la varianza genética, ambiental y grado de determinación genética (GDG). Los resultados indicaron diferencias ($P < 0,001$) entre familias para todas las variables. El GDG del vigor disminuyó con el transcurso del tiempo para las cuatro fechas [V(18/6):0,34...V(15/7):0,24], y fue

elevada para el AF y NH en las 39 familias sobrevivientes. Se evidenciaron 4 clusters que se correspondieron con las respuestas de las familias 157 familias ante el estrés hídrico. Las 39 familias más tolerantes fueron incorporadas al programa de mejoramiento genético de la especie.

GMV 57

UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES MICROSATÉLITES PARA CERTIFICACIÓN DE CLONES DE *EUCALYPTUS GRANDIS* PRODUCIDOS POR BIOFÁBRICA

Ortiz E. M.,¹ V. G. Teza,¹ P. D. Zapata¹

¹ Laboratorio de Biotecnología Molecular. FCEqyN - UNaM. bcmb@fceqyn.unam.edu.ar

Actualmente, una de las estrategias para el desarrollo forestal se basa en el cultivo intensivo de especies de rápido crecimiento, producidas a gran escala bajo la forma de clones genéticamente mejorados por atributos de cantidad y calidad, para la producción de material industrial con diversos fines maderables. En Misiones este método de producción se realiza mediante micropropagación de especies seleccionadas por sus características fenotípicas y genéticas. Dentro de estas se destaca *Eucalyptus grandis* por el gran impacto regional que posee al reunir todas las cualidades de interés productivo. Sin embargo, en el proceso de micropropagación es fundamental implementar controles de producción que certifiquen la identidad de los clones propagados y asegurar la calidad del producto que será ofrecido al productor y a los viveros. Los microsátélites constituyen herramientas moleculares útiles para tal fin. El objetivo del trabajo fue estandarizar y testear el funcionamiento de los mismos como técnica para diferenciar clones disponibles. Se utilizaron los descriptores moleculares registrados por el EMBRAPA y se aplicaron al análisis de una población doble ciega proveniente de la Biofábrica. Se obtuvieron patrones que permitieron la caracterización de esta población con un 99,999 % de confianza para la discriminación de subpo-

blaciones clonales, siendo estas EG-INTA-36, EG-INTA- 1, EG-INTA- 2, EG-INTA- 152.

GMV 58

LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ: APTITUD COMBINATORIA ESPECÍFICA PARA DIFERENTES USOS

di Santo H., A. Ferreira, E. Castillo, E. Grassi, V. Ferreira

Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto. egrassi@ayv.unrc.edu.ar

Los cultivares híbridos de maíz se obtienen aprovechando la heterosis proveniente del cruzamiento de líneas endocriadas de probada aptitud combinatoria específica (ACE). A partir del policruzamiento de poblaciones locales de tipo colorado duro y posterior selección recurrente, se han obtenido líneas endocriadas. La ACE de cinco líneas se analizó a través de veinte híbridos obtenidos mediante cruzamiento dialélico. La prueba se realizó durante tres años (2005/6-2007/8) en la UN de Río Cuarto, empleando un diseño en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones, efectuando el ANVA y el análisis de la ACE a través del software GENES. Se consideraron seis caracteres: peso verde total, y porcentaje de materia seca y de espiga en R₃-R₄; peso seco total y de grano en R₆ e índice de cosecha. Los valores medios fueron: peso verde total = 886,38 ± 387,59 g/planta; porcentaje de materia seca = 29,57 ± 5,94 %; porcentaje de espiga = 25,72 ± 8,70 %; peso seco total = 342,90 ± 177,81 g/planta; peso de grano = 142,34 ± 71,01 g/planta e índice de cosecha = 0,43 ± 0,24. Los porcentajes máximos de ACE para cada carácter fueron 20,65; 10,19; 15,56; 38,85; 67,58 y 80,46 por ciento respectivamente. En base a los valores de ACE para los distintos caracteres se identificaron 8 híbridos: dos con aptitud para producción de materia seca de la planta entera, dos con aptitud para producción de grano y cuatro de adecuado comportamiento para doble propósito. Una línea se destacó como polinizadora para todas las aptitudes de uso mencionadas.

GMV 59

VARIABILIDAD DEL CARÁCTER PRECOCIDAD INTRÍNSICA EN VARIEDADES ARGENTINAS DE TRIGO HEXAPLOIDE (*TRITICUM AESTIVUM* L.)

Gómez D., L. Vanzetti, L. Lombardo, M. Helguera, J. Fraschina

EEA INTA Marcos Juárez. Ruta 12 s/n, Marcos Juárez (2580), Córdoba, Argentina.

e-mail: jfraschina@mjuarez.inta.gov.ar

El momento de espigazón en trigo condiciona el rendimiento del cultivo y está regulado principalmente por tres componentes genéticos que presentan interacción con el ambiente, el requerimiento fotoperiódico, el requerimiento de frío o vernalización y la precocidad intríntrica frente a la temperatura o *earliness per se* (EPS). Si bien las bases fisiológicas y genéticas de la regulación de la floración por el fotoperíodo y la vernalización han sido documentados, escaso es el conocimiento referido a los factores genéticos que regulan la fecha de espigazón una vez satisfechos los requerimientos de fotoperíodo y vernalización en variedades argentinas. Conocer esta variabilidad y su control genético es importante para los programas de mejoramiento de trigo. En este trabajo se evaluó la variabilidad presente en EPS medido como días desde el transplante a la espigazón para un set de 32 variedades argentinas de trigo hexaploide bajo condiciones semicontroladas. El ensayo se condujo en macetas (3 plantas por maceta) con un diseño en BCA con tres repeticiones. Las plantas fueron previamente vernalizadas (60 días a 4°C en oscuridad) y luego del transplante el experimento se condujo bajo un fotoperíodo prolongado (20 h luz). Se observó que las variedades presentaron diferencias altamente significativas en EPS ($p < 0.0001$) y el rango de variación del experimento osciló entre 47 y 63 días. El análisis de LSD mostró que algunas variedades de origen europeo presentaron menor EPS que el resto del germoplasma. La variabilidad observada en el experimento ha sido utilizada para desarrollar poblaciones contrastantes para EPS que permitan mapear QTLs asociados.

GMV 60

SELECCIÓN RECURRENTE MASAL PARA RENDIMIENTO DE MERCADO EN ESPÁRRAGO BLANCO (*ASPARAGUS OFFICINALIS* L.)

De Lellis R.,¹ F. S. López Anido,² S. M. García,³ I. T. Firpo,³ V. P. Cravero,^{2,4} A. Espósito,² E. Martín,^{2,4} EL COUNTRY²

¹ Maestría en Genética Vegetal, Universidad Nacional Rosario (UNR).

² Cátedra de Mejoramiento y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR.
felopez@fcagr.unr.edu.ar

³ Cátedra de Horticultura, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR.

⁴ CONICET.

El espárrago es una especie dioica que presenta una gran variación fenotípica en los caracteres de interés agronómico. El rendimiento está determinado por el número y diámetro de los turiones; estando estas dos componentes relacionadas en forma negativa. Los planes de mejoramiento comenzaron a principios del siglo pasado, basándose fundamentalmente en un ciclo de selección y en la producción de híbridos entre plantas selectas. La selección recurrente no ha sido explotada y su estudio podría brindar información de interés a la hora de delinear programas de mejoramiento. Con este objetivo se estudiaron para caracteres productivos, durante dos períodos de cosecha (2006 y 2007), tres ciclos de selección recurrente a partir de la población Argenteüil, con una intensidad de selección promedio por ciclo de 1,72%, incluyendo también en la evaluación dos híbridos comerciales (Apollo F1 y Mercurio FCA-INTA). Los datos fueron sometidos al análisis de la variancia, interpretación gráfica biplot, y se estimaron la ganancia genética y heredabilidad realizada por ciclo. Se encontraron diferencias significativas entre los tratamientos para todos los caracteres evaluados a excepción de números de turiones. La ganancia para rendimiento de mercado luego de los tres ciclos fue del 41%, alcanzando niveles comparables al híbrido más rendidor (Mercurio FCA-INTA) y

superando significativamente al restante; sin embargo el comportamiento por ciclo no fue constante debido al avance diferencial conseguido en ambas componentes. La selección masal demostró ser efectiva para lograr una población mejorada de espárrago, con potencialidad de ser usada productivamente como tal o como fuente de plantas selectas para la producción de híbridos.

GMV 61

CORRELACIONES ENTRE CARACTERES PRODUCTIVOS Y SU HEREDABILIDAD EN HÍBRIDOS DE MAÍZ (*ZEA MAYS* L.) PROVENIENTES DE LÍNEAS BLS (BALANCED LETHAL SYSTEM)

Pardo A. M.,^{1,2} M. D. Magnago,^{1,2} M. V. Kandus,² D. Almorza,³ R. Boggio Ronceros,⁴ J. C. Salerno²

¹ Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNAM, Misiones. alanpardo69@hotmail.com

² Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Castelar.

³ Universidad de Cádiz, España.

⁴ Facultad de Agronomía, UNCPBA, Buenos Aires.

La correlación es importante en el mejoramiento vegetal ya que mide el grado de asociación, genética o no genética, entre caracteres. La causa de correlación puede ser genética o ambiental; las causas genéticas pueden atribuirse al pleiotropismo y/o al desequilibrio por ligamiento. El objetivo de este trabajo fue estimar las correlaciones entre caracteres de la espiga, y calcular su consecuente heredabilidad en híbridos derivados de líneas portadoras de sistemas de letales balanceados. Se evaluaron 10 híbridos durante dos campañas consecutivas (07/08-08/09). Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados, con tres repeticiones. Se evaluó el rendimiento por planta (Rend) y diferentes caracteres: longitud de espiga (LE), diámetro de espiga (DE), profundidad del grano (ProfG) y número de granos por espiga (N°GE). Se realizaron análisis de correlación y se calculó la heredabilidad (H_T) de los caracteres en los dos años por separado. Se realizaron análisis de componentes principales diferenciando los dos años

analizados para conocer las relaciones entre híbridos y variables. Se encontraron correlaciones fenotípicas entre LE-Rend., y entre LE-N°GE para la campaña 07/08. En la campaña 08-09 se observó correlación fenotípica entre DE-Rend, DE-ProfG y DE-N°GE. A su vez, se obtuvo correlación genética positiva entre DE-ProfG y negativa entre LE-ProfG. Se encontró correlación fenotípica y genética muy significativa entre Rend y ProfG en ambos años de evaluación. Las H_t calculadas fueron bajas para la mayoría de los caracteres excepto para ProfG (0,84). Estos datos evidencian la potencialidad del carácter ProfG como herramienta de selección no destructiva en híbridos de maíz.

GMV 62

REVERSIONES DE LA LINEA
CITOPLASMICA LC2 POR ACCION DEL
GENOTIPO MUTADOR DE CLOROPLASTOS
DE LA CEBADA

Landau A. M., M. G. Pacheco, A. R. Prina

Instituto de Genética E. A. Favret, CICVyA. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. C.C. 25, B1712WAA, Castelar, Provincia de Buenos Aires, Argentina. aprina@cnia.inta.gov.ar

La mutante de cebada LC2 se manifiesta principalmente en la primera hoja, esta emerge albina o casi albina y luego se torna verde-normal, con excepción de la punta. LC2 es la primera mutante de plantas superiores atribuida al gen plastídico *infA* y su estudio puede aportar importante información sobre la traducción del plástido. LC2 se obtuvo a partir de un genotipo nuclear descrito como mutador de cloroplastos de la cebada, el primero en su tipo identificado en monocotiledóneas y considerado una fuente de variabilidad de gran utilidad para el estudio funcional del plástido. Con el objeto de estudiar el modo de acción del mutador, así como, la funcionalidad del gen *infA*, plantas con citoplasma LC2 y genotipo nuclear no mutador se cruzaron como madres con plantas de genotipo mutador; en las progenies segregantes se seleccionaron familias inestables de genotipo nuclear mutador, con

la finalidad de detectar reversiones en ellas o en sus progenies. Así se identificó en la generación F₄ una plántula que presentó en la primera hoja una estría de color normal sobre fondo mutante. Con ADN extraído del tejido de esta estría se amplificó el gen *infA* y el análisis de su secuencia permitió la identificación de dos cambios nucleotídicos con respecto a la cebada normal; uno de ellos (T 157 C) coincidió con la mutación LC2 original y el otro se localizó a 21 bases del anterior (A 178 G). La primera mutación corresponde a un cambio aminoacídico serina 52 prolina y la segunda a metionina 59 valina, la cual compensaría el efecto de la mutación original.

GMV 63

APILAMIENTO DE EVENTOS
TRANSGÉNICOS QUE CODIFICAN
PROTEÍNAS ANTIFÚNGICAS EN ALFALFA

Aliani, A. M.,¹ A. M. Ferri,^{2,3} R. Ríos,² P. Franzone,² E. M. Pagano,² F. Ardila²

¹ Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad de Morón. Cabildo 134, Morón, Buenos Aires. anaaliani@gmail.com

² Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA. Aristizabal y El Ñandú s/n, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

³ Departamento de Ciencias Básicas, UNLu, Luján, Buenos Aires, Argentina.

Las enfermedades fúngicas limitan el desarrollo del cultivo de alfalfa al disminuir el rendimiento y la calidad nutritiva del forraje. Ante las grandes pérdidas que esto representa, la expresión constitutiva en plantas transgénicas de genes que codifican para proteínas antifúngicas, se perfila como una estrategia promisoriosa para conferir una mayor protección al cultivo ante el ataque de hongos fitopatógenos. Se dispone de tres poblaciones de alfalfa, cada una de las cuales ha incorporado, vía transformación genética con *Agrobacterium tumefaciens*, diferentes transgenes que codifican proteínas relacionadas a la patogénesis de acción antifúngica. Una población reúne eventos que expresan constitutivamente un gen de quitinasa,

otra, eventos que expresan un gen de defensa, y una tercera reúne eventos que expresan un gen de glucanasa. Un evento de glucanasa mostró tolerancia al desafío con el hongo *Phoma medicaginis*. A fin de investigar la fertilidad de los parentales transgénicos, la factibilidad de apilamiento y la posible sinergia de la expresión constitutiva y simultánea de dos transgenes en el genoma de la misma planta, conllevando a una mejor respuesta frente al ataque de hongos, se realizaron maniobras de cruzamiento controlado entre eventos seleccionados de esas poblaciones, obteniéndose progenie en la que se observó el apilamiento de los transgenes que portaban los parentales. Las plantas transgénicas demostraron ser fértiles, y la confirmación del apilamiento génico en la progenie se caracterizó molecularmente, a fin de determinar la presencia e integridad de los transgenes involucrados, así como su expresión.

GMV 64

¿AFECTA EL AMBIENTE LA MAGNITUD Y EXPRESIÓN DE LA RESISTENCIA PARCIAL A LA PODREDUMBRE BLANCA DE LOS CAPÍTULO DE GIRASOL?

Giussani A., F. Castaño, R. Rodríguez

Grupo de Mejoramiento Genético, Unidad Integrada Balcarce-UIB, RN 226, Km. 73,5, CC 276, B 7620 BKL Balcarce, BA. fcastanio@balcarce.inta.gov.ar

En girasol, la evaluación de líneas endocriadas en diferentes sitios/años permite evaluar el efecto de la interacción genotipo-ambiente (IGA) para la Podredumbre Blanca de Capítulos (PBC). Se desea conocer si los componentes de la resistencia parcial de la PBC manifiestan alteraciones conforme al cambio de ambiente. Durante dos años, se realizó un experimento a campo según un diseño en bloques, completos, aleatorizados, con dos repeticiones, utilizando 35 líneas restauradoras de la fertilidad ("R"). Luego de inocular con *Sclerotinia*, se midieron 5 componentes de la resistencia parcial a la PBC. La interacción línea-año (IGA) fue significativa ($p < 0,05$) para Incidencia-(I%) así como para Severidad Máxima-(SEVMx) y Severi-

dad a los 40 días-(SEV40), pero estuvo ausente para el Período de Incubación Relativo-(PIR) y Crecimiento de la Lesión-(CL). La ausencia de IGA facilitarían la selección de líneas "R" superiores para PIR y CL. Si, como ocurre en otros patosistemas, el comportamiento *per-se* de las líneas parentales es un predictor de la capacidad de las mismas para transmitir el nivel de resistencia a su progenie, las líneas R22 y R35, que mostraron coincidentemente el menor PIR y CL los dos años, trasladarán ese nivel del carácter a su descendencia crecida en más de un ambiente. Esto beneficiaría la selección de híbridos de buen comportamiento a la PBC. En cambio, la presencia de IGA en los otros tres componentes implicaría la necesidad de probar las líneas en más de un sitio/año a fin de detectar las que producirán los híbridos con mejor adaptabilidad promedio a la PBC.

GMV 65

GIRASOLES ORNAMENTALES Y SU RESISTENCIA A *SCLEROTINIA* Y MILDIÚ

Giussani A., O. Marcellán, F. Castaño, T. Salaberry, M. Echeverría, R. Rodríguez

Grupo de Mejoramiento Genético, Unidad Integrada Balcarce-UIB, RN 226, Km. 73,5, CC 276, B 7620 BKL Balcarce, BA. fcastanio@balcarce.inta.gov.ar

Se obtuvieron líneas endocriadas de girasol (*Helianthus annuus*) con flores liguladas coloreadas de rojo, ocre y/o amarillo. Se evaluó el comportamiento de seis de ellas a *Sclerotinia* de capítulo (PBC) y mildiú, éste a través de marcadores ligados a los genes de resistencia Pl6 y Pl8 que dan resistencia a todas las razas. En un diseño en bloques, completos, aleatorizados, con dos repeticiones, a las líneas se las inoculó con *Sclerotinia* y se midieron los componentes de la resistencia parcial conocidos. De cada línea también se aisló ADN genómico. Para detectar Pl6, el ADN se amplificó utilizando "primers" específicos para el marcador Ha-P3 y los productos de PCR se visualizaron en geles de agarosa teñidos con Sybr-Safe. Para Pl8 los "primers", específicos para Ha-W23, se

evaluaron mediante SSCP y análisis de amplicones en geles no desnaturalizantes usando la matriz MDE y tinción con Sybr-Gold. Para la PBC, hubo diferencias significativas ($p < 0,05$) para Período de Incubación Relativo-(PIR), Severidad Máxima-(SEVMx), Severidad a los 40 días-(SEV40) y Crecimiento de la Lesión-(CL). La línea LBO-100 sobresalió para PIR, SEVMx y SEV40, segundada por LBO-91 para PIR y SEV40. LBO-300 se destacó para CL. Ninguna de las líneas presentó marcadores ligados a Pl6 y Pl8. Las líneas, potencialmente inscribibles en el INASE como cultivares ornamentales, mostraron respuestas diferenciales a la PBC lo cual, además, las habilitaría como fuente de resistencia para el girasol cultivado. La ausencia de Pl6 y Pl8 indica que deberán ser inoculadas para conocer si tienen resistencia a alguna raza de mildiú.

GMV 66

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES DE *SOLANUM KURTZIANUM*

Marfil C. F.,^{1,2} S. Carrasco,¹ R. W. Masuelli^{1,2,3}

¹ Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza. cmarfil@fca.uncu.edu.ar

² CONICET.

³ EEA La Consulta, INTA.

Solanum kurtzianum ($2n=2x=24$), es una especie silvestre de papa de amplia distribución en la Argentina y se la ha descrito como resistente a nemátodos y sequía. Su utilización en planes de mejoramiento genético requiere estudiar la estructura genética de poblaciones naturales, para fijar estrategias de colección y conservación de este germoplasma. El objetivo de este trabajo fue estudiar la variabilidad genética en poblaciones de *S. kurtzianum* colectadas al margen del Río Mendoza, en Álvarez Condarco y en cuatro cauces secos paralelos en Villavencio, provincia de Mendoza, relevando en total 5 áreas de colecta. Utilizando AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) se encontró mayor variabilidad genética en las

poblaciones de Villavencio que en la de Álvarez Condarco. Dentro de las poblaciones de Villavencio la mayor variabilidad se encontró en el área 3. En función del grado de similitud genética se realizaron agrupamientos usando el método UPGMA. En el fenograma se observó un grupo homogéneo donde se agruparon todas las plantas de Álvarez Condarco y se destacaron los genotipos colectados en el área 3 de Villavencio, los cuales se encuentran distribuidos y agrupados con genotipos de otras áreas, inclusive dos genotipos se agruparon con las plantas colectadas en Álvarez Condarco, de las cuales están distanciadas geográficamente más de 50 km. Estos resultados indican que en algunas áreas para abarcar toda la diversidad genética existente es necesario examinar rigurosamente el sitio y enfocar los esfuerzos en coleccionar y caracterizar el máximo material posible.

GMV 67

ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE GIRASOL (*HELIANTHUS ANNUUS* L.) CODIFICANTES DE PROTEÍNAS TIPO GERMINAS (*GERMIN LIKE*)

Décima Oneto C., G. González, D. M. Lewi

Instituto de Genética, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Castelar, Pcia. de Buenos Aires. dlewi@cni.inta.gov.ar

Debido a la complejidad de la base genética de la resistencia, han cobrado relevancia estrategias centradas en el estudio de los factores determinantes de la patogénesis y de las respuestas de defensa del hospedante. Estudios realizados en trigo y cebada, determinaron que la expresión del gen *germina* se realiza en las primeras etapas de la germinación. Actualmente se conoce que la proteína GERMINA de trigo posee actividad oxalato oxidasa a pH 3.8 y actividad superóxido dismutasa a pH 7.5, mientras que la de cebada tiene sólo actividad oxalato oxidasa (*oxo*). En ambos casos el resultado final es la acumulación de peróxido de hidrógeno en la matriz extracelular. Asimismo, se ha demostrado que la expresión heteróloga del

gen *germina* de trigo aumenta la tolerancia a *Sclerotinia sclerotiorum* en soja, tabaco y girasol, y a *Sclerotinia minor* en maní.

En trabajos previos se identificaron secuencias en girasol (*Helianthus annuus* L.) que poseen similitud con genes *germinas*, cuya función se asocia a respuestas y/o defensas a estreses bióticos y/o abióticos. Entre estas secuencias se identificó el transcripto correspondiente a un gen de una proteína de tipo *germina* (*HaGLP1*), con probable actividad oxalato oxidasa y/o superóxido dismutasa. El objetivo del presente trabajo es el estudio de la expresión del gen *HaGLP1* en levaduras para determinar el tipo de actividad enzimática y la obtención de plantas transgénicas de maíz y soja que expresen los genes candidatos para evaluar su acción frente a patógenos.

GMV 68

RESISTENCIA ANTIBIÓTICA AL PULGÓN RUSO DEL TRIGO EN LÍNEAS DE CEBADA

Tocho E.,^{1,2} M. Ricci,¹ A. M. Castro^{1,2}

¹ Departamento de Cs. Biológicas, Facultad de Cs. Agrarias y Forestales, UNLP, 60 y 119 (1900).

² INFIVE, CCT-La Plata, CONICET.
ericatocho@yahoo.com.ar

Una planta se considera antibiótica cuando ejerce un efecto adverso sobre la biología de un insecto que se alimenta de ella, y puede afectar directa o indirectamente su potencial de reproducción, la duración de su ciclo

inmaduro, la mortalidad (o supervivencia) de las formas jóvenes, la fecundidad, la longevidad, reducir el tamaño y peso del individuo, entre otros.

El objetivo del presente trabajo fue determinar el grado de antibiosis al pulgón ruso del trigo (*Diuraphis noxia*) en un conjunto de líneas recombinantes dihaploides (LRD).

Para ello se trabajó con 79 LRD provenientes del cruzamiento entre las líneas experimentales E1-2004 y E2-2004, seleccionadas por su nivel de antixenosis y tolerancia a dicho áfido. Al estado de primera hoja expandida se infestaron las plantas con una ninfa neonata y se continuó observando su ciclo de vida cada 48 hs hasta la finalización de su vida reproductiva o la muerte de la hembra. La descendencia fue contada y removida en cada medición. Los parámetros determinados en los insectos fueron: La longitud del ciclo de vida inmadura del áfido (d); La fertilidad en un período igual al tiempo de desarrollo d (Md); La longevidad (L); La fecundidad (F) y la tasa intrínseca de incremento poblacional (r_m).

Los análisis de la varianza mostraron diferencias altamente significativas en todos los parámetros biológicos evaluados. Si bien no existieron diferencias entre ambos padres, algunas LRD mostraron valores significativamente distintos del resto evidenciando diferentes niveles de antibiosis en este grupo de plantas. Estas líneas antibióticas podrían ser empleadas para mejorar la resistencia de cebada al pulgón ruso.

Comunicaciones libres: Citogenética vegetal

CV 1

ESTUDIOS MORFOLÓGICOS Y DE VIABILIDAD DE POLEN EN UNA CRUCIFERAE DE AMAICHA DEL VALLE, PROVINCIA DE TUCUMÁN

Pastoriza A. del V., C. J. Budeguer, A. Nasif, L. Martínez Pulido, B. Andrada Mansilla, A. B. Andrada
Cátedra de Genética. Facultad de Agronomía y Zootecnia. Universidad Nacional de Tucumán. Tucumán. Argentina. academica-faz@faz.unt.edu.ar

En la provincia de Tucumán se encuentra ampliamente distribuida una Cruciferae aromática, la que requiere de un estudio morfológico y genético por la presunta toxicidad que produciría en el ganado y por su avance hacia los cultivos que la convierte en una amenaza como maleza. El objetivo del presente trabajo es contribuir al conocimiento de esta especie a través de un estudio morfológico para su identificación taxonómica y de viabilidad de polen para estimar la fertilidad. El material provino de la zona de Amaicha del Valle, Tucumán. El análisis taxonómico fue realizado con la ayuda de clave taxonómica y la estimación de la viabilidad de polen se realizó con la técnica de coloración con Azul de Algodón en Lactofenol, para lo que se realizó el conteo de 7285 granos de polen. Los resultados de los estudios taxonómicos indican que corresponde a *Diploaxis brevisiliqua* L., caracterizada principalmente por su gran polimorfismo foliar. Los resultados de viabilidad de polen indican que existe una alta viabilidad, evidenciada por la presencia de granos coloreados y turgentes (99,5%) frente a los no coloreados y/o deformes. En una etapa posterior se completará con la elaboración del cariotipo y el estudio del comportamiento de los cromosomas en meiosis.

CV 2

VARIACIÓN DEL TAMAÑO DEL GENOMA EN EL COMPLEJO POLIPLÓIDE *TURNERA ULMIFOLIA*

López A.,^{1,2} Panseri A. F.,^{1,3} Poggio L.,² A. Fernández^{1,3}

¹ IBONE (UNNE-CONICET).

alicialopezmendez@yahoo.com.ar

² LaCyE (EGE-FCEN-UBA).

³ FaCENA (UNNE).

El contenido de ADN fue medido en 12 especies del complejo *Turnera ulmifolia* empleando IP y DAPI. Se realizó una comparación entre los valores obtenidos mediante ambas tinciones y no se observaron diferencias significativas. Las especies analizadas del complejo *T. ulmifolia* poseen valores 1C dentro del rango medido en la mayoría de las angiospermas. Se observó una tendencia general al aumento del contenido total de ADN (valor 2C) y de la disminución del contenido de ADN por genoma básico (Cx) a medida que aumentó el nivel de ploidía, con excepción de la especie alotetraploide *T. grandidentata* que presentó un aumento marcado de Cx. Existe una correlación positiva entre la longitud cromosómica total y el contenido total de ADN. Las especies alooctoploides *T. aurelii* y *T. cuneiformis* aparecen muy diferenciadas en contenido de ADN, lo que sería resultado de mecanismos de aumento y contracción del genoma que habrían actuado en dirección opuesta luego de su origen poliploide común. Las especies hexaploides *T. orientalis* y *T. occidentalis* presentan contenidos de ADN muy similares y lo mismo ocurre con las especies Jamaíquino-Caribeñas *T. ulmifolia* y *T. campaniflora*, lo que concuerda con la elevada afinidad entre las mismas demostrada en trabajos previos.

CV 3**CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE DOS POBLACIONES DE TOMILLITO DE LAS SIERRAS (*HEDEOMA MULTIFLORUM* BENTH.)****Liébana C., M. Ojeda, A. Ordóñez**Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba.
cintiliebana@yahoo.com.ar

Hedeoma multiflorum Benth. es una hierba perenne aromática requerida para el consumo por sus propiedades medicinales. Es aprovechada a partir de la recolección de ejemplares silvestres, utilizándose toda la parte aérea de la planta. Por su uso en la industria, resulta de interés profundizar el conocimiento de esta especie desde el punto de vista citogenético.

El único reporte hasta la fecha indica para esta especie un número cromosómico $2n = 72$ determinado para una población Uruguaya. El objetivo del trabajo fue conocer el número cromosómico y analizar el comportamiento meiótico en dos poblaciones de *Hedeoma multiflorum* Benth. de Córdoba, Argentina.

El material estudiado fue recolectado en las localidades de Salsacate y Villa Las Rosas. Para los recuentos cromosómicos en mitosis se utilizaron raicillas de 0,5cm de longitud, pretratadas con solución saturada de paradiclorobenceno y coloreadas con técnica Feulgen. Para las observaciones en meiosis se emplearon anteras jóvenes fijadas en Farmer y coloreadas con Carmín acético.

Se confirmó un número cromosómico $2n = 72$ para ambas poblaciones. En cuanto al comportamiento meiótico, se observó la presencia de univalentes en metafase, micronúcleos en telofase II y puentes citomíticos en diferentes estadios en ambas poblaciones. Solamente se observaron cromosomas rezagados (se pierden cuando se forma envoltura nuclear) en anafase I en la población de Salsacate.

La confirmación del número cromosómico y el estudio del comportamiento meiótico de estas poblaciones de tomillito de las sie-

rras constituyen un importante paso en relación a la caracterización de germoplasma nativo de especies aromáticas y medicinales.

CV 4**ESTUDIO COMPARATIVO DE LOS CARIOTIPOS DE LOS TAXONES DE *ZEa* (*MAYDEAE*)****González G., M. F. Fourastí, A. M. García, L. Poggio**

Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. gegonzalez@ege.fcen.uba.ar

En este trabajo se presenta un estudio comparativo de los cariotipos de los taxones del género *Zea* (Tribu Maydeae), compuesto por el maíz y los teosintes. Estos taxones muestran tanto variaciones intra como interespecíficas en el tamaño de su genoma, debido a diferencias en el contenido de heterocromatina. La misma se encuentra principalmente formando bloques teloméricos o subteloméricos denominados knobs.

Para este estudio se realizaron técnicas de bandeos C y DAPI y de Hibridación *In Situ* Fluorescente (FISH) sobre metafases mitóticas de *Zea luxurians*, *Zea mays* ssp. *mexicana*, *Zea mays* ssp. *parviglumis*, *Zea diploperennis* y de varias razas de maíz (*Zea mays* ssp. *mays*) nativas del Noroeste argentino. Con los datos obtenidos se describieron los cariotipos característicos para cada especie de teosinte y para cada raza de maíz estudiadas, y se construyeron los idiogramas correspondientes. Los cromosomas se ordenaron de mayor a menor, como es usual en maíz, y se clasificaron según la nomenclatura de Levan. También se determinaron los índices de asimetría intra e intercromosómica (A1 y A2).

Por bandeo DAPI se observó que el maíz y otros teosintes poseen knobs más pequeños que los de *Zea luxurians*, hallándose también diferencias en la longitud cromosómica. En el presente trabajo se examina si las fórmulas cariotípicas varían en los teosintes y en las razas de maíz analizadas, como consecuencia de la presencia diferencial de

bandas heterocromáticas. Se observan también las correlaciones entre la simetría de los cariotipos estudiados y el porcentaje de longitud cromosómica que ocupan sus knobs heterocromáticos.

CV 5

LA VARIACIÓN DE LOS KNOBS
HETEROCROMÁTICOS PERMITE
CARACTERIZAR RAZAS DE MAÍZ DEL
NOROESTE ARGENTINO

González G.,¹ M. F. Fourastié,¹ AM García,¹ J. Cámara-Hernández,² L. Poggio¹

¹ Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. gegonzalez@ege.fcen.uba.ar

² Laboratorio Vavilov, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

El maíz (*Zea mays* ssp. *mays*) posee 56 razas nativas en Argentina, 34 de las cuales corresponden a la región del Noroeste del país (NOA). La variación en contenido de ADN entre estas razas es causada por diferencias en el contenido de heterocromatina, que forma bloques distribuidos sobre los cromosomas en posiciones variables denominados knobs. A nivel de secuencias, hay tres tipos de knobs: aquellos constituidos por repeticiones en *tandem* de una secuencia de 180bp, otros compuestos por repeticiones en *tandem* de una secuencia de 350pb (TR-1), y los que contienen ambas secuencias en distintas proporciones. Si bien se conoce que en maíz el número, posición y tamaño de los knobs varía entre razas, poco se sabe sobre las variaciones en la localización de sus secuencias componentes.

En este trabajo se propuso caracterizar razas de maíz del NOA analizando el número, tamaño y secuencia componentes de sus knobs. Para ello, se realizaron bandeos DAPI y experimentos de Hibridación *In Situ* Fluorescente (FISH) donde se hibridaron, con ambas secuencias knobs, metafases mitóticas y núcleos interfásicos de, al menos, ocho de estas razas.

Los resultados mostraron un patrón de número y composición de secuencias de

knobs característico y diferencial de cada raza analizada. Esto sugiere los knobs pueden utilizarse para la caracterización citogenética de las razas nativas de maíz, importantes reservorios de variabilidad genética susceptible a integración en planes de mejoramiento y conservación de la biodiversidad. Esta metodología podría extrapolarse al reconocimiento de líneas e híbridos comerciales de maíz.

CV 6

ESTUDIOS CROMOSÓMICOS EN
PAPPOPHORUM CAESPITOSUM

Perthuy G. Y.,¹ G. E. Schrauf,² L. Poggio¹

¹ Laboratorio de Citogenética y Evolución, Dpto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA.

² Cátedra de Genética, FAUBA.
gperthuy@hotmail.com

Pappophorum caespitosum es una importante gramínea nativa de las zonas áridas y semiáridas de la región centro-oeste de Argentina. Posee una excelente calidad forrajera por lo cual se la considera una especie clave para la revegetación de áreas degradadas. Para poder abordar un plan de domesticación y mejoramiento genético resulta necesario conocer aspectos básicos de la citogenética de la especie. Hasta el presente los antecedentes citogenéticos consisten sólo en la determinación del número cromosómico y nivel de ploidía, resultando la especie hexaploide con $2n = 60$ y $x = 10$.

En el presente trabajo se presenta por primera vez fórmula y parámetros del cariotipo en *P. caespitosum*, obtenidos a partir de metafases mitóticas teñidas con la coloración de Feulgen. Además se caracterizó el contenido de heterocromatina aplicando la técnica de bandeos DAPI-CMA.

P. caespitosum posee un $2n = 6x = 60$ con una fórmula cariotípica $20m + 3m-sm + 5sm + 2sm-st$. Presenta regiones heterocromáticas compuestas por secuencias ricas en AT alternadas con secuencias ricas en GC, es por ello que se observan regiones DAPI+ y CMA+ que se superponen. Sin embargo, se observa un par cromosómico que

presenta una banda telomérica CMA+/DAPI-. Por lo tanto las regiones heterocromáticas en *P. caespitosum* se caracterizan por ser secuencias alternadas ricas en AT y GC, excepto en un par cromosómico que posee una única banda con secuencias ricas en GC.

CV 7

ESTUDIOS CITOGENÉTICOS EN HÍBRIDOS F_1 ENTRE *HELIANTHUS ANNUUS* Y *H. RESINOSUS*

Miranda Zanetti J.,¹ E Greizerstein,² L. Poggio,² M. M. Poverene,^{1,3} A. Carrera³

¹ CERZOS-CONICET. julietaimz@yahoo.com.ar

² LACyE, Depto. EGE, FCEN, UBA.

³ Departamento de Agronomía, UNS.

Helianthus annuus L. ($x=17$) es una especie anual, diploide y *H. resinosus* Small ($x=102$) es una especie perenne, hexaploide que se ha hipotetizado tiene a *H. annuus* como una de sus especies parentales. Los objetivos fueron analizar el proceso meiótico de la F_1 interespecífica en relación a tipos de apareamiento y estudiar la homología de los genomas involucrados.

Se realizaron cruzamientos entre *H. annuus* y *H. resinosus* y se fijaron capítulos de la F_1 . La meiosis de anteras se estudió mediante coloración con hematoxilina acética y mediante GISH, utilizando ADN de *H. annuus* y de *H. resinosus* como sonda.

El estudio con tinción convencional mostró una mayor frecuencia de bivalentes y multivalentes y menor de univalentes a la esperada si no existiera ningún tipo de apareamiento entre los genomas de ambas especies ($7,48I + 61,03II + 9,93III + 21,57IV$). En los meiocitos estudiados por GISH se observaron univalentes pertenecientes a ambas especies y bivalentes tanto auto como alosindéticos; los autosindéticos pertenecían a *H. resinosus*. También se observó la existencia de translocaciones entre ambos genomas en células mitóticas de la pared. La ocurrencia de apareamientos alosindéticos en el híbrido, así como de univalentes de ambas especies podrían atribuirse a homología parcial del genoma de *H. annuus* y el de *H. resi-*

nosus, y a la presencia de translocaciones intergenómicas. Estos resultados junto con previos resultados de GISH en mitosis de raíz, no apoyan la hipótesis de que *H. annuus* sea una de las especies parentales del poliploide *H. resinosus*.

CV 8

VARIACIÓN CARIOTÍPICA ESTRUCTURAL Y POLIPLOIDÍA EN POBLACIONES NATURALES DE *LATHYRUS NERVOSUS* LAM

Chalup L., G. Seijo

Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE, Corrientes. laurachalup@gmail.com

Las especies sudamericanas de *Lathyrus* se encuentran incluidas en la sección *Notolathyrus*. Los estudios meióticos evidencian la ocurrencia de múltiples cambios numéricos y estructurales, sin embargo, los análisis de citogenética clásica demuestran que las especies son cariotípicamente homogéneas ($2n=2x=14$), habiéndose propuesto que están sujetas a ortoselección cariotípica.

Con el objetivo de investigar los procesos intervinientes en la evolución cariotípica de *Lathyrus*, se analizó la arquitectura cromosómica en mitosis por mapeo de regiones heterocromáticas mediante bandeado C-DAPI y de genes ribosomales por FISH en distintas poblaciones de *L. nervosus*, que presentan comportamiento meiótico anormal.

En todas las poblaciones, los individuos presentaron la fórmula cariotípica $12sm + 2st$. Los patrones de bandas heterocromáticas DAPI+ observadas en las distintas poblaciones fueron conservados para las bandas centroméricas, pero variables para las intersticiales. Se observó un sitio 45S ADNr en el brazo largo del cromosoma st, y uno 5S ADNr en el brazo corto del cromosoma 5. En una de las poblaciones se identificó un individuo triploide que presentó un patrón de bandas heterocromáticas DAPI+ y de loci ribosomales, por complemento haploide, semejante a los diploides.

Los resultados demuestran que si bien las

especies del grupo analizado estarían sujetas a ortoselección cariotípica, en cuanto a número y morfología cromosómica, existe variación interpoblacional a nivel subestructural. Además, la presencia de un triploide constituye el primer registro de poliploidía en *Notolathyrus*. Estos hallazgos permiten, por primera vez en *Lathyrus*, compatibilizar, al menos en parte, el alto porcentaje de anomalías meióticas y la presencia de gametos no-reducidos con los cariotipos observados en las poblaciones.

CV 9

IRREGULARIDADES MEIÓTICAS EN UNA POBLACIÓN DE LA ESPECIE SILVESTRE DIPLOIDE DE PAPA *SOLANUM CHACOENSE* BITTER

Bottini M. C. J.,¹ E. J. Greizenstein,² L. Poggio,² E. L. Camadro¹

¹ Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), C.C. 276, 7620 Balcarce, Buenos Aires; CONICET.

² Laboratorio de Citogenética y Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA. michayhue@yahoo.com

S. chacoense Bitter ($2n=2x=24$, 2NBE) es una especie silvestre de papa que se distribuye en Brasil, Bolivia y Argentina, en hábitats muy diversos, por lo que es fuente de genes de interés para el mejoramiento genético. Se estudió el comportamiento meiótico de una población natural de Famallá, Tucumán. Se analizaron 100 células, registrándose univalentes fuera de placa (1-3) en 25% aproximadamente de las células en Metafase I (MI). En Anafase I se observó un número similar de cromosomas con migración precoz hacia los polos. En Metafase II se encontraron células con un cromosoma fuera de la placa ecuatorial, aunque en la mayoría hubo segregación normal. En Anafase II se observaron husos paralelos, tripolares y múltiples. En el estadio de tétrada se observaron mónadas (8%), díadas (5%), tríadas (16%), tétradas (70%) y péntadas

(1%), por lo que la meiosis en estos materiales origina gametos n , $2n$, $4n$ y desbalanceados. Las irregularidades meióticas estarían señalando un posible origen híbrido de esta población. A su vez, los gametos $2n$ permitirían sortear la barrera del endosperma y obtener progenie híbrida con la papa común *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* ($2n=4x=48$) en cruzamientos compatibles a nivel polen-pistilo.

CV 10

CONTENIDO, DISTRIBUCIÓN Y COMPOSICIÓN DE LA HETEROCROMATINA EN DISTINTAS VARIEDADES DE CUATRO ESPECIES DE *AMARANTHUS* (AMARANTHACEAE) CULTIVADAS

Bonasora M., E. J. Greizerstein, L. Poggio

Laboratorio de Citogenética y Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. ejgrey@ege.fcen.uba.ar

El género *Amaranthus* comprende más de 50 especies herbáceas, *A. cruentus*, *A. caudatus*, *A. mantegazzianus* y *A. hypochondriacus* son utilizadas como pseudocereales. Estudios previos señalan la posibilidad de la existencia de politipismos para el número y composición de bandas heterocromáticas. En el presente trabajo se estudió el número, posición y composición relativa de bandas heterocromáticas en distintos cultivares de estas especies y compararon entre sí. Se estudiaron dos cultivares de cada especie que se encuentran bajo cultivo en la UNLPam y en instalaciones del INDEAR S.A: (Córdoba). Se utilizó la técnica de bandeado fluorescente con DAPI y CMA₃ para la identificación de regiones heterocromáticas ricas en AT y GC respectivamente. Todas las especies y cultivares estudiados presentaron bandas DAPI+ centroméricas. *A. mantegazzianus* y *A. caudatus* presentaron dos señales CMA₃+ en ambos cultivares. El número y posición de las señales CMA₃+ coinciden con los sitios NOR previamente descritos. *A. hypochondriacus* cultivado por el INDEAR SA presentó 4 señales CMA₃+, dos de ellas coincidentes con los

sitios NOR y dos centroméricas en cromosomas sin constricción secundaria, el cultivar Artaza presentó sólo dos señales CMA₃+, coincidentes con los sitios NOR. *A. cruentus* cv Don Guiem presento solo dos señales CMA₃+ mientras que el cultivar proveniente del INDEAR presentó seis señales CMA₃+, dos de ellas coincidentes con los sitios NOR y cuatro coincidentes con sitios DAPI+. Estos resultados apoyan la hipótesis de politipismo para la heterocromatina en al menos dos especies de *Amaranthus* cultivados.

CV 11

ESTUDIO CITOGENÉTICO DEL HÍBRIDO INTERESPECÍFICO *ARACHIS PINTOI* X *A. REPENS* (SECCIÓN *CAULORRHIZAE*) Y SUS PARENTALES MEDIANTE CITOGENÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR

Pucciariello O., A. Ortiz, A. Fernández, G. I. Lavia

Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). CC 209. (3400) Corrientes, Argentina.

lavia@agr.unne.edu.ar

La sección *Caulorrhizae* incluye dos especies forrajeras estoloníferas nativas de Brasil, *Arachis repens* y *A. pintoii*. A fin de combinar las características forrajeras de *A. pintoii* con la resistencia a enfermedades y plagas de *A. repens* se realizaron cruzamientos entre ambas. Sin embargo, las plantas obtenidas de tales cruzamientos no producen semillas y hasta el momento, no existen evidencias del origen de dicha esterilidad. Con el objetivo de inferir el grado de homología cromosómica existente entre las entidades parentales y aportar datos acerca de la constitución genómica del híbrido, en este trabajo se presenta la comparación cariotípica entre las tres entidades mediante citogenética clásica y molecular. Ambas especies y el híbrido interespecífico presentaron igual fórmula cariotípica (18m+2sm) y un par cromosómico satelitado. Este par mostró en los tres taxones un par de bandas proximales CMA+ que corresponden a la heterocromatina asociada a los NORs, coincidiendo con la localización de los loci ADNr 45S. El número de bandas DAPI+ identificadas oscilaron

entre 3 y 5 pares, no pudiéndose determinar el número exacto para cada una de las entidades estudiadas. El número de loci ADNr 5S fue variable entre los taxones, 4 en *A. pintoii*, 2 en *A. repens* y un valor intermedio de 3 en el híbrido. Nuestros resultados evidencian similitudes cromosómicas entre las especies parentales indicando que forman un grupo natural. Por otra parte, la presencia de un número impar de sitios ADNr 5S en el híbrido indica que podrían ocurrir apareamientos meióticos irregulares que disminuirían la fertilidad del mismo.

CV 12

DETERMINACION MEDIANTE CITOMETRÍA DE FLUJO DE NIVELES DE PLOIDIA DE UNA COLECCIÓN DE GERMOPLASMA DE FESTUCA ALTA (*FESTUCA ARUNDINACEA* SCHREB)

Cuyeu A. R.,¹ Evans A. R.,¹ Coviella A.,³ Pagano E. M.,¹ Rosso B. S.,² Ríos R. D.¹

¹ Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, C.C. 25 (1712) Castelar.

rcuyeu@cni.inta.gov.ar

² EEA.-INTA, CC. 31 (2700) Pergamino.

³ Instituto de Floricultura, INTA, C.C. 25 (1712) Castelar.

El genero festuca incluye 450 especies. La festuca alta tiene una amplia adaptación geográfica, siendo la gramínea forrajera perenne más sembrada en Argentina. Esta especie es alohexaploide (2n=6x), y el género presenta diferentes niveles de ploidía (2n=2x, 2n=4x, 2n=6x y 2n=8x) que pueden ser determinados mediante citometría de flujo, técnica que permite medir el contenido de ADN nuclear (pg/2C). Mediante la misma se analizaron 44 accesiones de la colección del Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino clasificadas como festuca alta y provenientes de distintos orígenes del mundo. Se tomaron de plántulas muestras de aproximadamente 0.5 cm². Los trozos de hojas fueron cortados sobre buffer de extracción (0,1M ácido cítrico monohidratado y 0,5% de Tween 20). La suspensión que contenía los núcleos libres fue filtrada (filtro de

50 μm) y luego teñida con una solución que contenía 4 $\mu\text{g}/\text{l}$ de DAPI en 4M Na_2HPO_4 . El contenido relativo de ADN fue estimado a través de los picos de fluorescencia obtenidos del citómetro de flujo (PARTEC, PA, Alemania). Se detectó que el 84% de las accesiones estudiadas presentaron un nivel de ploidía hexaploide y 11% octoploide. Cabe asimismo señalar que se detectó una accesión diploide y una tetraploide. Se discutirá la relación de estos resultados con información disponible de variación molecular de esta colección. Estos resultados destacan la importancia de incluir el análisis del nivel de ploidía como parte de la caracterización de germoplasma.

CV 13

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN DEL TAMAÑO DEL GENOMA EN POBLACIONES DIPLOIDES DEL COMPLEJO *TURNERA SIDOIDES* POR CITOMETRÍA DE FLUJO

Roggero J. M.,^{1,2} E. M. S. Moreno,¹ V. G. Solís Neffa^{1,3}

¹ Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). CC 209. 3400, Corrientes (Argentina).

² Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE). Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE)

³ viviana@agr.unne.edu.ar

Turnera sidoides ($x=7$) es un complejo autoploiploide de hierbas alógamas perennes. Se extiende desde el sur de Bolivia, Paraguay y Brasil hasta Uruguay y Argentina, donde alcanza los 39°S. Cuenta con cinco subespecies y siete morfotipos en los que se detectaron diferentes niveles de ploidía, desde diploide ($2n=2x=14$) hasta octoploide ($2n=8x=56$). A partir del análisis de los cariotipos se comprobó que los taxones diploides difieren en la longitud cromosómica media. A fin de comprobar si estas diferencias se corresponden con variaciones en el tamaño del genoma se estimó el contenido de ADN nuclear por citometría de flujo de individuos pertenecientes a poblaciones diploides representativas de los diferentes taxones y regiones geográficas comprendi-

das en el área del complejo. El valor C varió desde 0.74 pg a 0.83 pg. Los resultados obtenidos mostraron que el contenido de ADN varió tanto entre las poblaciones de las diferentes subespecies como entre poblaciones provenientes de diferentes regiones geográficas de una misma subespecie. La variación del contenido de ADN observada refleja las variaciones en la longitud cariotípica. Estas diferencias sugieren que la diversificación infraespecífica del complejo habría estado acompañada por cambios en el contenido de ADN. Estos resultados son de suma importancia para la evaluación del origen de los poliploides de *T. sidoides*.

CV 14

RELACIONES EVOLUTIVAS ENTRE LAS ESPECIES DIPLOIDES Y TETRAPLOIDES DE LA SECCIÓN *RHIZOMATOSAE* DEL GÉNERO *ARACHIS* MEDIANTE TINCIÓN CON FEULGEN Y BANDEO CMA/DAPI

Ortiz A., G. Seijo, G. I. Lavia

Instituto de Botánica del Nordeste, C.C. 209, 3400, Corrientes, Argentina. ortizalejandr@gmail.com

La sección *Rhizomatosae* posee tres especies tetraploides (*A. glabrata*, *A. nitida* y *A. pseudovillosa*) y sólo una diploide (*A. burkartii*), todas con $x=10$. Los ensayos de cruzamientos han demostrado un notable aislamiento reproductivo entre estas especies, obteniéndose híbridos sólo entre *A. glabrata* y *A. pseudovillosa*, lo cual sugiere que estas especies podrían poseer diferentes genomas. Asimismo, estudios previos utilizando la técnica de FISH han detectado diferencias en el patrón de loci ADN r y bandas C-DAPI+ entre *A. burkartii* y dos especies tetraploides de la sección. Con el objetivo de aportar nuevos marcadores cromosómicos que permitan inferir las relaciones evolutivas de la sección, se presenta la caracterización cromosómica de las 4 especies mediante tinción clásica con Feulgen y bandeo CMA/DAPI. *Arachis burkartii* presentó un par de cromosomas SAT perteneciente al tipo 8; mientras que, las tres entidades tetraploides exhibieron un par satelitado tipo 3. En el complemento de *A. burkartii*

se detectó la ausencia de bandas DAPI+; sin embargo, las tres especies tetraploides presentaron bandas centroméricas DAPI+ en todos los cromosomas del complemento. En *A. burkartii* se halló un par de bandas intersticiales CMA+ en los cromosomas satelitados y en las entidades tetraploides se detectaron 2 (*A. glabrata* y *A. pseudovillosa*) y 3 (*A. nitida*) pares de cromosomas con bandas proximales CMA+. Por lo tanto, la suma de marcadores cromosómicos hallados hasta el momento evidencian que: 1) *A. burkartii* no habría estado involucrado en el origen de las especies tetraploides, y 2) las entidades tetraploides tendrían un origen común, debido a que éstas poseen complementos cromosómicos similares, siendo los de *A. glabrata* y *A. pseudovillosa* los más afines.

CV 15

CITOLOGÍA Y MODO DE REPRODUCCIÓN DE *PASPALUM DURIFOLIUM* MEZ
PENTAPLOIDE (POACEAE: PANICOIDEAE:
PANICEAE)

Honfi A. I.,¹ C. L. Quarín²

¹ Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales, UNaM - Rivadavia 2370 (3300) Posadas, Misiones, Argentina.

² Facultad de Ciencias Agrarias UNNE, C.C.209, (3400) Corrientes, Argentina. ahonfi@gmail.com

La combinación exitosa de la poliploidía y apomixis es evolutivamente importante en la adaptación y especiación de *Paspalum*. En *P. durifolium* hay tetraploides de reproducción sexual y hexaploides apomícticos. La rara existencia de un pentaploide natural ($2n=5x=50$) y el logro experimental de un híbrido intraespecífico pentaploide permitió compararlos citoembriológicamente. La configuración meiótica más frecuente del 5x natural fue 10 I + 20 II Esto indica que posee tres genomioms distintos. Ocasionalmente se forman de 0-1 trivalentes y 0-2 cuadrivalentes probablemente debido a translocaciones u homología residual. Las tétradas de microsporas reducidas (n), cromosómicamente desbalanceadas, con 0-2 micronúcleos

producen polen cuya viabilidad es del 58,7%. En el híbrido 5x sintético la meiosis es más irregular y la viabilidad del polen no supera el 11%. La presencia de I, II, III, ocasionales IV y V en CMP, indican mayor homología residual entre los tres genomioms presentes. En ambos 5x, la megasporogénesis origina megasporas reducidas (n) que originan un saco embrionario (SE) meiótico tipo *Polygonum*. En el 70% de los óvulos del pentaploide natural y 50% del sintético se diferenciaron 1-5 células nucelares ($2n=50$) que desarrollan SE apospóricos tipo *Paspalum*. Ambos pentaploides se reproducen por apomixis apospórica facultativa y son autocompatibles, pero con muy baja producción de semillas. Esta se supone que debe ser la causa de lo extraordinario de la existencia de plantas pentaploides en condiciones naturales, a pesar de la existencia de apomixis. La morfología y el modo de reproducción de los pentaploides tienen características intermedias derivadas de tetraploides y hexaploides.

CV 16

EVIDENCIAS CROMOSOMICAS DE LA EXISTENCIA DE TRES TIPOS GENOMICOS EN EL GRUPO DE ESPECIES DE LA SECCION ARACHIS (GENERO *ARACHIS*, LEGUMINOSAE) ORIGINALMENTE ASIGNADAS AL GENOMA "B"

Robledo G.,^{1,2} J. G. Seijo^{1,2}

¹ Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE)-CONICET, C.C. 209, 2400 Corrientes, Argentina.

² Facultad de Ciencias Exactas Naturales y Agrimensura (FACENA), Universidad Nacional del Nordeste. Corrientes, Argentina. seijo@agr.unne.edu.ar

La sección *Arachis* comprende 30 especies silvestres y el cultígeno *A. hypogaea* ($n.v.$: maní). Originalmente, las especies diploides ($2n=2x=20$) con cariotipos simétricos fueron asignadas a los genomioms A y B solamente por la presencia/ausencia de un par de cromosomas pequeños (cromosomas A). Sin embargo, los datos de marcadores moleculares y de cruzamientos interespecíficos, junto con los análisis preliminares de citogenética molecular sobre pocas especies; sugieren la

existencia de más de un tipo genómico entre las especies consideradas con genoma B. En este trabajo se analizaron los patrones de distribución de la heterocromatina C-DAPI+ y de los genes ribosomales por FISH con el fin de determinar la identidad cariotípica de todas las especies de este grupo, y establecer los tipos genómicos presentes en el mismo. El patrón de distribución del conjunto de los marcadores analizados permitió establecer tres cariotipos consenso, cada uno de los cuales presenta marcadores característicos. Además, dentro de cada grupo cariotípico, las especies pueden ser identificadas por la presencia de marcadores particulares. Los tres grupos de especies formados coinciden con los obtenidos por cruzamientos artificiales y marcadores moleculares. Estos resultados permiten proponer la existencia de tres tipos genómicos cariotípicamente diferentes, y establecer nuevas relaciones genómicas para las especies diploides de la sección. Además, aportan nuevos datos sobre las afinidades genómicas de las especies silvestres con *A. hypogaea* y aumenta el conocimiento de la variabilidad presente en el pool génico secundario del cultígeno.

CV 17

CARIOTIPO, BANDEO CROMOSÓMICO Y DETECCIÓN DE GENES DE RRNA 5S Y 18S/26S MEDIANTE FISH EN TRES ESPECIES DE *HIPPEASTRUM* HERB. (AMARYLLIDACEAE)

Daviña J. R.,¹ A. Fernández,² E. A. Moscone³

¹ Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, 3300 Posadas, Misiones, Argentina.
julio@invs.unam.edu.ar

² Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), C.C. 209, 3400 Corrientes, Argentina.

³ Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IM-BIV), Universidad Nacional de Córdoba-CONICET, C.C. 495, 5000 Córdoba, Argentina.

Ante las escasas diferencias morfológicas que existen entre tres especies de *Hippeastrum* Herb. del nordeste argentino, i.e., *H.*

iguazuatum (Ravenna) T. R. Dudley & M. William, *H. teyucuaensis* (Ravenna) Van Scheepen e *H. glaucescens* (Mart. ex Schult. & Schult.f.) Herb., se acometió un estudio cariotípico para contribuir a esclarecer su rango taxonómico. Todas las muestras examinadas presentan $2n=2x=22$ y cariotipo bimodal constituido por $8m+8sm+6st$. La longitud cromosómica promedio varía desde 7,16 a 8,82 μm y la longitud del complemento haploide de 73,82 a 97,04 μm . El par cromosómico 11 (st) porta regiones organizadoras nucleolares (NORs) activas y microsatélites en brazo corto. El total de heterocromatina es rica en GC (CMA⁺DAPI⁻) en las tres especies y exclusivamente asociada a las NORs. Hay correlación positiva entre el número y tamaño de las bandas en cromosomas metafásicos y los cromocentros en núcleos interfásicos. La hibridización *in situ* fluorescente utilizando sondas de DNA ribosómico (18S/26S) reveló dos señales, indicando la presencia de dos loci de genes ribosómico activo. La sonda de rDNA 5S originó una señal en el par cromosómico submetacéntrico 7, en posición terminal del brazo corto. No se encontraron diferencias en el patrón de bandas Ag-NOR, CMA/DAPI ni en el número y posición de los genes ribosómicos de las tres especies estudiadas. Si bien morfológicamente muestran pocas diferencias entre las tres especies y citogenéticamente todos los materiales analizados son uniformes, hasta el momento, no se lograron híbridos entre las mismas, indicando que estas especies poseen fuerte aislamiento reproductivo.

CV 18

ALTERACIONES MEIÓTICAS EN UNA POBLACIÓN F₁ TETRAPLOIDE DE *PASPALUM NOTATUM* SEGREGANTE POR EL MODO DE REPRODUCCIÓN

Podio M.,^{1,2} D. Hojsgaard,² C. L. Quarin,² J. P. A. Ortiz^{1,2}

¹ Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR. Campo Experimental J.Villarino C.C. N° 14 (S -2125-ZAA) Zavalla, Santa Fe, Argentina.

² Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE)- CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. CC209 (3400) Corrientes, Argentina.
maricelpodio@yahoo.com.ar

Apomixis es una forma de reproducción asexual por semillas que origina progenies genéticamente idénticas a la planta madre. Las razas tetraploides de *P. notatum* se reproducen naturalmente por apomixis gametofítica de tipo apospórica. Este tipo de reproducción involucra la formación de sacos embrionarios no reducidos (aposporía), el desarrollo partenogenético del embrión y la formación del endosperma luego de la fecundación de los núcleos polares (pseudogamia). Estudios previos en la especie mostraron diferencias en la presencia de alteraciones meióticas (cromosomas retrasados en anafase, puentes de cromatina y micronúcleos) durante la microsporogenesis del genotipo apomíctico Q4117 en relación a lo observado en un genotipo sexual (Q4188) de origen experimental. El objetivo de este trabajo fue determinar si las anomalías meióticas observadas en Q4117 se transmiten a la descendencia asociadas al modo de reproducción. Se analizaron las meiosis de 8 y 9 plantas F_{1s} derivadas del cruzamiento entre Q4188 (progenitor femenino) y Q4117 (progenitor masculino), clasificadas como sexuales (no apospóricas) y apomícticas (apospóricas), respectivamente. Los análisis citogenéticos determinaron diferencias significativas ($p < 0.05$) en los porcentajes de meiosis normales (58,52 % vs. 28,69 %) y anormales (41,48 % vs. 71,31 %) observados en las progenies F₁ sexuales y apomícticas,

respectivamente. Estos resultados indican que las alteraciones meióticas presentes en el progenitor Q4117 se transmiten con mayor frecuencia a las progenies apomícticas y que podrían estar asociadas al modo de reproducción.

CV 19

DISTRIBUCIÓN Y FRECUENCIA DE CITOTIPOS DE *PASPALUM ALCALINUM* MEZ EN LAS POBLACIONES NATURALES

Sartor M. E., C. L. Quarin, F. Espinoza

Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes, Argentina. mariasartor@agr.unne.edu.ar

Paspalum alcalinum es una gramínea que se distribuye desde México hasta el norte de Argentina y Paraguay. Estudios previos indican que existen individuos diploides ($2n=2x=20$), tetraploides ($2n=4x=40$), pentaploides ($2n=5x=50$) y hexaploides ($2n=6x=60$), pero no se conoce de qué manera estas razas están representadas en las poblaciones naturales. El objetivo fue determinar la distribución y frecuencia de los diferentes citotipos de *P. alcalinum* en poblaciones indígenas. Se coleccionaron tres poblaciones de Argentina. Antequeras, Tres Isletas (Chaco) y El Galpón (Salta) y una de Paraguay (Dpto. Presidente Hayes). Entre 10 y 65 plantas individuales/población fueron obtenidas a partir de rizomas y mantenidas en macetas. El nivel de ploidía de cada individuo fue estimado por citometría de flujo en hojas frescas. En 3 poblaciones sólo se encontraron individuos hexaploides; mientras que la población de Tres Isletas presentó individuos pentaploides (84%), hexaploides (14%) y un individuo heptaploide (2%). Estos datos junto a otros obtenidos de revisiones bibliográficas y colecciones anteriores, fueron utilizados para confeccionar un mapa de distribución geográfica de los distintos citotipos de la especie. Si bien existen citas para genotipos diploides y tetraploides, no se encontraron plantas con estos niveles de ploidía en las poblaciones analizadas. Estos resultados sugieren que *P. alcalinum* confor-

ma un verdadero complejo agámico, en donde pentaploides y hexaploides estarían predominando en las poblaciones naturales, abarcando una amplia área de distribución. La poliploidía y la reproducción apomítica que se ha descrito para algunas colecciones de esta especie constituyen seguramente el fundamento de la plasticidad adaptativa de la misma.

CV 20

EVIDENCIAS DE DIFERENCIACIÓN
CARIOTÍPICA ENTRE LAS TRES ESPECIES
DEL COMPLEJO *CAPSICUM ANNUUM* (*C.*
ANNUUM, *C. CHINENSE*, *C. FRUTESCENS*)

Romero M. V., M. A. Scaldaferrero, E. A. Moscone

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV),
Universidad Nacional de Córdoba-CONICET, C.C. 495,
5000 Córdoba, Argentina.

mvromero@imbiv.unc.edu.ar

El complejo *Capsicum annuum* está formado por tres especies: *C. annuum*, *C. chinense* y *C. frutescens*. Cada especie incluye formas silvestres y cultivadas. En *C. annuum* se distinguen las formas silvestres como variedad taxonómica (var. *glabriusculum*) mientras que las cultivadas son incluidas en la variedad *annuum*. En las restantes entidades (*C. chinense* y *C. frutescens*) no está claro si las poblaciones naturales son originalmente salvajes o se trata de poblaciones escapadas de cultivo. La aplicación de métodos de bandeado cromosómico con fluorocromos para revelar regiones heterocromáticas han brindado un análisis cariosistemático refinado. *Capsicum annuum* presenta en su variedad cultivada un cariotipo compuesto por 10 pares m + 1 sm + 1 st, con una o dos regiones organizadoras nucleolares (NORs) por complemento haploide, en tanto la variedad silvestre posee varias (1-4) y presenta 11 m + 1 st (sm), excepto el citotipo 1 que exhibe 10 m + 1 sm + 1 st. *Capsicum frutescens* posee un cariotipo compuesto por 11 m + 1 st con dos NORs; por último en *C. chinense* se observa la fórmula 11 m + 1 st con un solo par de NORs. El rango específico para las tres entidades del complejo es cues-

tionado. Mientras Pickersgill sostiene que las tres entidades podrían ser co-específicas, Hunziker considera a *C. frutescens* como una variedad de *C. annuum*. Si bien los tres miembros del complejo presentan autocompatibilidad y semejanza morfológica, el bandeado fluorescente aporta evidencia suficiente para considerar la existencia de tres especies dentro del complejo.

CV 21

CROMOSOMAS HOLOCÉNTRICOS EN
CUSCUTA PARODIANA YUNCKER
(SUBGEN. GRAMMICA)

Lozzia, M. E., A. R. Andrada, V. de los A. Páez, M. I. Toranzo, M. E. Cristóbal.

Fundación M. Lillo. M. Lillo 251. San Miguel de Tucumán. melozzia@yahoo.com.ar

El género *Cuscuta* (Cuscutaceae) está representado por plantas holoparasitas con distribución cosmopolita. Yuncker (1932) divide al género en los subgéneros: *Cuscuta*, *Grammica* y *Monogyna* por los caracteres anatómicos, morfológicos y citológicos. En la Argentina está representado por 24 especies.

Cuscuta parodiana Yuncker pertenece al subgénero *Grammica*, y presenta gran polimorfismo.

Es un género endémico de las provincias de Jujuy, Salta y Tucumán.

El número básico para este género es $x = 7$ con numerosas series euploides; en la familia dominan los números básicos $x = 14$ y 15 , y surgen numerosos citotipos por poliploidía y aneuploidía. En este trabajo se lleva a cabo, por primera vez, el estudio del comportamiento meiótico de *Cuscuta parodiana* Yuncker, en cuatro poblaciones de la provincia de Tucumán. Se utilizaron botones florales y se colorearon con hematoxilina propiónica. Los resultados mostraron irregularidades meióticas y marcada heterocromatinización en todo el material analizado. En las poblaciones I y IV, se observaron configuraciones cuatripartitas típicas de los cromosomas holocéntricos; en II y III configuraciones donde se observaría actividad centromérica media y telomérica. Los antecedentes

citogenéticos señalan al subgénero *Cuscuta*, como portador exclusivo de cromosomas holocéntricos y de monocéntricos al subgénero *Grammica*. Nuestros estudios nos llevan a disentir estas conclusiones por haber observado en este material configuraciones que responderían a cromosomas típicamente ho-

locéntricos y además un probable estadio intermedio, en el desplazamiento del centrómero, de difuso a localizado. Se insinúan probables relaciones filogenéticas y la importancia de la poliploidía en la evolución del grupo.

Comunicaciones libres: Citogenética animal

CA 1

STEINDACHNERIDION DOCEANUM Y
PHRACTOCEPHALUS HEMILIOPTERUS
(PISCES, SILURIFORMES): DESCRIPCIÓN
CARIOTÍPICA Y CONSIDERACIONES
CITOTAXONÓMICAS

Swarça A. C.,¹ J. A. Dergam,² R. B. Noletto,³ A. L. Dias,¹ A. S. Fenocchio⁴

¹ Depto. de Histología, Univ. Est. de Londrina.
swarça@uel.br

² Universidade Federal de Viçosa, Brasil.

³ Depto. de Genética, Univ. Fed. do Paraná.

⁴ Depto. de Genética, UNaM.

La clasificación en algunos grupos de Siluriformes sigue presentando controversias, inclusive en especies de gran porte, como es el caso de los grandes bagres sudamericanos *Steindachneridion doceanum*, especie endémica y en vías de extinción y *Phractocephalus hemiliopterus*, uno de los mayores peces de agua dulce del mundo, distribuido por toda la región amazónica. Estas especies, a pesar de ser fácilmente identificables morfológicamente, aún son motivo de discusión en relación a su inclusión en subfamilias de Pimelodidae. En el presente trabajo se describen cariotípicamente *S. doceanum* y *P. hemiliopterus*, las preparaciones cromosómicas fueron obtenidas indirectamente mediante cultivo de linfocitos, evitando el sacrificio de los ejemplares. Se aplicaron coloraciones convencionales y diferenciales (BC, NOR, CMA₃, FISH). Los resultados obtenidos evidencian la similitud de ambas especies con el resto de los Pimelodidae, en número, morfología cromosómica y algunos marcadores (2n=56 y NORs en un solo par). En el caso de *S. doceanum* es clara su semejanza cariotípica con otras especies del género y puede ser incluida en el grupo “Sorubiminae”. *Phractocephalus hemiliopterus* ubicado por diversos autores en ramas aisladas, como grupo hermano del resto de los

Pimelodidae, comparte algunas características citogenéticas con las especies de Sorubiminae, pero requeriría estudios más profundos, incluyendo técnicas moleculares, para definir con mayor precisión su correcta inclusión en algún taxón específico.

Agradecimientos: A la SPU (Programa de Inc. a docentes investigadores), Universidade Estadual de Londrina (CCB), UFPR (Depto. de Genética), UFV.

CA 2

UN NUEVO CARIOTIPO PARA EL GÉNERO
AMPHISBAENA (AMPHISBAENIA:
SQUAMATA)

Falcione A. C., A. B. Hernando

Laboratorio de Herpetología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste. Av. Libertad 5470, (3400) Corrientes. Argentina. camilafalcione@hotmail.com

Amphisbaena es uno de los géneros de Amphisbaenidae, reptiles escamados especializados al modo de vida subterráneo, conocidos vulgarmente como viboritas de dos cabezas. Comprende 70 especies de las cuales sólo 17 fueron analizadas citogenéticamente, describiéndose 12 cariotipos diferentes con un rango de números diploides de 2n = 26 a 50 y números fundamentales entre 42 a 64. Esta variabilidad contrasta con la condición considerada primitiva (2n = 36) comúnmente observada en diversos grupos de Squamata.

En este trabajo describimos el cariotipo de *Amphisbaena bolivica* Mertens 1929 e identificamos la localización de las regiones organizadoras del nucleolo utilizando ejemplares colectados en el oeste de la provincia del Chaco. Los animales fueron tratados con solución de colchicina 0.1%, las preparaciones cromosómicas se obtuvieron a partir de un homogeneizado del epitelio intestinal, las cuales fueron coloreadas con Giemsa pH 6.8

y según la tinción argéntica de Howell & Black (1980).

Amphisbaena bolivica mostró un $2n = 42$ y su cariotipo se distingue del de las demás especies de *Amphisbaena* porque todos los cromosomas presentaron morfología telocéntrica. Los organizadores nucleolares fueron localizados en un único par de cromosomas como lo ya observado en otras anfisbenas.

Se ha propuesto que la evolución cromosómica en estos reptiles involucró mecanismos de fisiones y fusiones, pero el escaso número de especies de *Amphisbaena* estudiadas hasta el momento y la ausencia de coloraciones diferenciales no permiten formular otras hipótesis.

CA 3

AVANCES EN EL ESTUDIO CITOLÓGICO DURANTE LA OVOGÉNESIS DE LA MOSCA SUDAMERICANA DE LA FRUTA *ANASTREPHA FRATERCULUS* (WIED.) (DIPTERA: TEPHRITIDAE)

Raffaelli F.,¹ N. S. Forneris,² A. L. Basso³

¹ Cátedra de Genética Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. raffaell@agro.uba.ar.

² Cátedra de Genética Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. forneris@agro.uba.ar

³ Cátedra de Genética Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. abasso@agro.uba.ar.

La comprensión del proceso de producción de huevos en moscas tefrítidas resulta esencial para conocer en qué momento interrumpir el ciclo vital, durante la maduración gonadal. En *Drosophila*, la ovogénesis y la cópula son independientes. Sin embargo ambos procesos deben completarse para que haya ovulación. La ovulación a su vez, dispara la liberación de los espermatozoides de la espermateca. El huevo maduro queda arrestado en metafase I, la cual se reanuda luego de la ovulación.

Presentamos los avances en el análisis de la ovogénesis y la ovulación de *Anastrepha fraterculus*. A tal fin se disecaron primordios gonadales de larvas y pupas, y ovarios de imágos hasta adultos de 264 horas de dos colonias de laboratorio de diferente origen geo-

gráfico. Estudiamos la línea germinal con DAPI y sus divisiones celulares con orceína.

Presentamos la evolución morfológica gonadal comparada. La maduración ovárica difiere entre colonias. A igual edad cronológica, existen diferencias en la edad fisiológica que se traduce en un ovario más grande y con más huevos. Hembras adultas de 72 a 96 horas, presentan ovariolas con un cisto de 16 células, ubicado en la región terminal del germario. Se observan ovocitos en profase I. Hembras de 168 hs tienen huevos en el oviducto y espermatozoides en las espermatecas, lo que indicaría que la primera ovulación ya ocurrió. Aún resta determinar cuándo finaliza la primera ovogénesis y cuándo se reanuda la meiosis. Estos resultados tienen relevancia al momento de aplicar estrategias de control basadas en la aplicación de insecticidas biológicos de acción específica.

CA 4

HIBRIDACIÓN *IN SITU* POR FLUORESCENCIA EN PERRA WEIMARANER CON AMBIGÜEDAD SEXUAL

Guero A. A. M.,¹ P. Gargallo,² L. Martín,³ L. Albarracín,¹ V. Hynes,¹ D. M. Ferré,¹ I. B. Larripa,^{2,4} N. B. Gorla^{1,4}

¹ Genética, Área de Ciencias Básicas y

³ Unidad de Prácticas Veterinarias, Facultad de Ciencias Veterinarias y Ambientales, Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza. aamquero@yahoo.com.ar

² Departamento de Genética, Academia Nacional de Medicina, Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

⁴ CONICET.

En una perra de raza Weimaraner a los 7 meses de edad se apreció una anormalidad anatómica importante en la vulva. A los 14 meses de vida fue evidente la ausencia de estro puberal. La suma de estos factores determinó una ambigüedad sexual que debía ser investigada para su correcto diagnóstico. La anormalidad de la vulva reveló en las radiografías la presencia de hueso. Se efectuó cultivo de linfocitos de sangre periférica por métodos convencionales para la obten-

ción de metafases coloreadas con Giemsa 10%, bandas G e Hibridación *In Situ* por Fluorescencia (FISH). Se analizó por FISH mediante la hibridación con la sonda XY (Vysis). El cromosoma X emite una señal roja (región centromérica alfa satélite, Xp11.1-q11.1), mientras que el cromosoma Y emite una señal verde (ADN satélite Yq12). Se analizaron 20 metafases al microscopio óptico y 200 núcleos en el microscopio de fluorescencia (FISH). El cariotipo de la perra en estudio es 78, XX. Los análisis hormonales también verifican el sexo femenino. El estudio con la sonda XY no es suficiente para justificar la ausencia de alguna translocación o deleción génica, por lo que se requeriría estudios moleculares del gen Sry, como así también la evaluación histopatológica de las gónadas que implicaría la castración del animal. Se rescata el uso de la citogenética convencional y citomolecular como métodos complementarios para aportar al diagnóstico clínico de animales domésticos.

CA 5

INESTABILIDAD CROMOSÓMICA DURANTE EL ESTABLECIMIENTO DE UNA LÍNEA CELULAR ORIGINARIA DE *ORYCTOLAGUS CUNICULUS*

Piilli J. P., S. Soloneski, M. A. Reigosa, M. L. Larramendy

Cátedra de Citología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. Email: jpiilli@yahoo.com.ar.

Uno de los acontecimientos más destacados durante el establecimiento de las líneas celulares "*in vitro*" es la aparición de alteraciones cromosómicas numéricas y/o estructurales. El objetivo del presente estudio fue evaluar los cambios a nivel cromosómico que acontecen durante dicho evento en una línea celular derivada de piel de conejo en los subcultivos (SC) 5, 10, 15, 20, 25, 30, 40, y 50. El análisis incluyó el cariotipado de 20 metafases de los SC 5 al 25 mediante la técnica de inducción de bandas cromosómicas de duplicación tardía. Asimismo, en los SC 5 al 50, se realizó el recuento cromosómico

analizando 100 metafases. Los resultados obtenidos mostraron que en los SC 5 y 10 las aberraciones presentes fueron de tipo no-clonales, mientras que en los SC 15 al 25 fueron del tipo clonales, observándose, entre otras alteraciones, monosomía del cromosoma 20 (65%) y trisomía del cromosoma 5 (40%). Por otro lado los resultados del recuento cromosómico demuestran que entre los SC 5 al 25 los cultivos permanecen pseudodiploides con un bajo porcentaje de poliploidización, mientras que, desde el SC 30 dichas células presentaron un índice superior al 65%. Estos hallazgos ponen en evidencia que durante los SC 5 y 10 los cultivos presentan inestabilidad cromosómica, mientras que entre los SC 15 al 25 adquieren estabilidad expresada en dichas alteraciones. A partir del SC 30 se ven seleccionadas aquellas células que presentan poliploidización, la cual subsiste hasta el SC 50, indicando la amplificación del complemento cromosómico durante el proceso de establecimiento.

CA 6

LOS CROMOSOMAS SEXUALES EN HETEROPTERA: SU COMPORTAMIENTO Y LA FORMACIÓN DE ELEMENTOS AXIALES DURANTE LA MEIOSIS MASCULINA TEMPRANA

Toscani M. A.,¹ A. G. Papeschi,¹ M. I. Pigozzi²

¹ Laboratorio de Citogenética y Evolución, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. matoscani@ege.fcen.uba.ar

² Instituto de Investigaciones en Reproducción, FMED, UBA.

Los cromosomas sexuales de la mayoría de las especies de Heteroptera son aquíasmáticos, asinápticos y se dividen post-reduccionalmente en la meiosis masculina. La división ecuacional de las cromátides hermanas durante la meiosis I ha sido asociada a la falla del reclutamiento de cohesinas durante la profase temprana, a diferencia de los autosomas que forman ejes regulares. Excepcionalmente se ha descrito la segregación pre-reduccional de los cromosomas sexuales pero se desconoce si estos cromosomas reclutan

cohesinas. En este trabajo se analizó el tipo de segregación del cromosoma X en machos de cuatro especies con sistema X0: *Holhymenia rubiginosa*, *Phthia picta* (Coreidae) y *Liorhysus hyalinnus* (Rhopalidae) (meiosis post-reduccional) y *P. argentinus* (Coreidae) (meiosis pre-reduccional), a fin de relacionarla con la formación de ejes meióticos, revelados con un anticuerpo contra la cohesina SMC3 (componente conservado de los elementos laterales del complejo sinaptonémico). Durante el paquitene el cromosoma X de *H. rubiginosa*, *P. picta* y *P. argentinus* se marca de manera discontinua, observándose un tenue punteado hacia la periferia del núcleo, mientras que en *L. hyalinnus* no se observa marcación. En diplotene sólo el cromosoma X de *P. argentinus* presenta una marcación continua, observándose un eje meiótico simple. Los resultados obtenidos sugieren que la división pre-reduccional del cromosoma sexual de *P. argentinus* se relacionaría con el depósito de cohesinas como SMC3 entre las cromátidas hermanas. Aún falta dilucidar los mecanismos regulatorios y/o estructurales que expliquen el comportamiento meiótico diferencial del cromosoma X de *P. argentinus* con respecto a otras especies con sistema X0.

CA 7

LOCALIZACIÓN DE LOS GENES RIBOSOMALES EN CROMOSOMAS MITÓTICOS DE *ANASTREPHA FRATERCULUS* (WIED) MEDIANTE HIBRIDACIÓN *IN SITU* FLUORESCENTE

Giardini M. C., F. Milla, C. Conte, S. Lanzavecchia, J. L. Cladera

Laboratorio de Genética de Insectos de Importancia Económica, Instituto de Genética "Ewald A. Favret", INTA, Castelar. mgiardini@cni.inta.gov.ar

El ADN ribosomal es una familia multi-génica compuesta por uno o más clusters de unidades repetitivas. Cada unidad consiste en secuencias altamente conservadas que codifican para los genes ribosomales 18S, 5.8S y 28S. Por sus características, los genes de la familia del ARN ribosomal son a me-

nudo utilizados en mapas citogenéticos y en estudios de filogenia. En diversos organismos estos genes se encontraron asociados a las regiones heterocromáticas de los cromosomas. En algunas especies de moscas tefritidas tales como *Ceratitis capitata*, *C. rosa* y *Rhagoletis pomonella* los genes ribosomales se encontraron en la heterocromatina de los cromosomas X e Y.

El objetivo del presente trabajo fue estudiar la localización de los genes ribosomales en cromosomas mitóticos de *Anastrepha fraterculus* (WIED) (Diptera: Tephritidae) mediante hibridación *in situ* fluorescente (FISH). Se utilizó como sonda la secuencia de la región codificante del 18S aislada de *A. fraterculus* y marcada con biotina.

Al igual que en las moscas de la fruta citadas anteriormente, los genes ribosomales de *A. fraterculus* se encontraron asociados exclusivamente a los bloques heterocromáticos de los cromosomas sexuales. La zona de hibridación se correspondió con las regiones DAPI+ de uno de los extremos del cromosoma X y con las regiones DAPI+/CMA+ del cromosoma Y.

La técnica de FISH permitió situar físicamente los genes ribosomales en cromosomas metafásicos. Asimismo podrá utilizarse para la localización de otros genes de interés en el genoma de *A. fraterculus* y se espera que permita validar la no politenización de los cromosomas sexuales en preparados de politénicos.

CA 8

ESTUDIOS MEIÓTICOS EN *MICROTOMUS LUNIFER* (BERG 1900) (HETEROPTERA, REDUVIIDAE, HAMMACERINAE): CROMOSOMAS M E INVERSIÓN DE LA ACTIVIDAD CINÉTICA

Poggio M. G., M. J. Bressa, A. G. Papeschi

Laboratorio de Citogenética y Evolución, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. georgininguis@gmail.com

Los cromosomas holocinéticos de heterópteros restringen su actividad cinética a una de las regiones terminales durante la

meiosis, y se ha postulado que la región terminal activa en meiosis I se volvería inactiva en meiosis II (actividad cinética invertida). *Microtomus conspicillaris* ($2n=26+2m+XY$, macho) es la única especie de Hammacerinae descrita citogenéticamente y la única de aproximadamente 128 redúvidos con un par de cromosomas m. En este trabajo estudiamos machos de *Microtomus lunifer* analizando la meiosis, el contenido de heterocromatina C positiva, la localización de NORs mediante FISH y los sitios de actividad cinética en el par autosómico portador de los clusters ribosomales. *Microtomus lunifer* posee $2n=28+X_1X_2Y$, destacándose un par autosómico mucho menor que en metafase I puede ubicarse con los bivalentes autosómicos y los univalentes sexuales formando un anillo o disponerse en su centro; este par puede segregarse precozmente en anafase I. El contenido de heterocromatina es escaso, distinguiéndose pequeños puntos C-positivos dispersos durante profase I temprana. Los clusters ribosomales se detectaron en una de las regiones terminales de un par autosómico grande. En base a los antecedentes y los resultados obtenidos sugerimos que: 1) el par autosómico menor podría considerarse potencialmente un par de cromosomas m; 2) el sistema sexual múltiple se habría originado por una fragmentación del X ancestral; 3) del análisis de la ubicación de los clusters ribosomales se infiere que la elección de los extremos cromosómicos activos no es un proceso azaroso y que existe una inversión de la actividad cinética entre ambas divisiones.

mitivas. Las observaciones en relación al par ZW entre las 42 especies de Tinamiformes son escasas, mientras que las 10 especies de ratites han sido analizadas de manera extensa al respecto. En el presente trabajo se comparan la morfología del par ZW y la extensión de su zona de recombinación mediante el análisis de los cromosomas en la mitosis y la meiosis, respectivamente, en dos especies de tinámidos: *Eudromia elegans* y *Crypturellus tataupa*. En *E. elegans* el cromosoma W es aproximadamente un tercio menor que el Z, acrocéntrico y mayormente heterocromático. Sin embargo, tiene una región eucromática distal claramente visible que representa alrededor 25% de la longitud total del cromosoma. En *C. tataupa*, en cambio el cromosoma W equivale en longitud a la mitad de cromosoma Z y es completamente heterocromático. En correspondencia con estas diferencias morfológicas a nivel de los cromosomas mitóticos, la distribución de los focos de MLH1, que marcan eventos de recombinación recíproca durante el paquitene, demuestra una mayor extensión de la zona recombinante en *E. elegans* que en *C. tataupa*. Estos datos sumados a los ya conocidos sobre el ZW de los otros dos tinámidos permiten afirmar que, a diferencia de las Ratites, las Tinamiformes tienen pares ZW con grados muy distintos de diferenciación morfológica y que constituyen un grupo clave para analizar la evolución de los cromosomas sexuales dentro de la clase Aves.

CA 9

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y DE LA REGIÓN RECOMBINANTE EN EL PAR ZW DE ESPECIES DEL ORDEN TINAMIFORMES (AVES)

Pigozzi M. I.

Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires.
mpigozzi@fmed.uba.ar

Las Tinamiformes (inambúes), junto con las Ratites, pertenecen al Orden Paleognathae y representan las aves vivientes más pri-

CA 10

EVOLUCIÓN DEL CARIOTIPO EN *LYGAEUS ALBOORNATUS* Y *L. HOSPES* MEDIANTE LA LOCALIZACIÓN DE LOS GENES RIBOSOMALES (HETEROPTERA: LYGAEIDAE: LYGAEINAE)

Bressa M. J.,¹ V. Suman,² L. Z. Carabajal Paladino,³ H. Kaur,² A. G. Papeschi¹

¹ Laboratorio de Citogenética y Evolución, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA, Argentina. mjhbressa@ege.fcen.uba.ar

² Deptt. Zoology, Punjabi University, Patiala, Punjab, India.

³ Instituto de Genética, INTA, Castelar, Argentina.

Los antecedentes citogenéticos en el género *Lygaeus* han demostrado que *L. equestris*, *L. hospes*, *L. kalmii kalmii* y *L. turcicus* poseen el complemento cromosómico diploide modal propuesto para Lygaeinae ($2n=14=12+XY$, machos) y que los cromosomas no difieren mucho en tamaño; mientras que *L. alboornatus* ($2n=12=10+XY$) y *L. simulus* ($2n=22=20+XY$) presentan el número cromosómico diploide más bajo y más alto, respectivamente, descrito para esta subfamilia. Considerando $2n=14$ como el ancestral para *Lygaeus* y en base a la presencia de un par autosómico notablemente mayor en *L. alboornatus*, se propuso que su cariotipo se habría originado a partir del cariotipo ancestral por una fusión autosómica. Con el objeto de dilucidar que autosomas pudieron estar involucrados en este reordenamiento, se realizó la hibridación *in situ* fluorescente de una sonda de ADNr 18S –utilizada como marcador cromosómico– en preparaciones de cromosomas de machos de *L. alboornatus* y *L. hospes*. El cariotipo de *L. alboornatus* consta de un par autosómico mayor y cuatro pares medianos y el de *L. hospes*, de tres pares mayores y tres pares medianos. En ambas especies los cromosomas X e Y son los más pequeños del complemento. Los resultados revelaron la presencia de un par de clusters ribosomales en un par autosómico mediano en posición medial en las dos especies. De lo expuesto se concluye que el origen del par autosómico mayor de *L. alboornatus*

no involucró al par autosómico de tamaño mediano y portador del NOR, sino probablemente a dos pares mayores del cariotipo ancestral.

CA 11

CARIOTIPO, CROMOSOMAS B Y AGNOR EN *PROCHILODUS LINEATUS* (CHARACIFORMES, PROCHILODONTIDAE) DEL RÍO PARANÁ, CORRIENTES, ARGENTINA

Canzoneri R., S. Sánchez, L. C. Jorge

Instituto de Ictiología del Nordeste, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste, Pcia. de Corrientes. canzonerir@hotmail.com

Prochilodus lineatus es un pez neotropical migrador que se encuentra a lo largo de toda la extensión del río Paraná. Su constitución cromosómica es de $2n=54$, acompañados comúnmente de microcromosomas supernumerarios que se encuentran en número de 0 a 7. En el presente trabajo se evalúa la ocurrencia de los cromosomas B en ejemplares de *P. lineatus* del Paraná Medio, y la posición de las regiones NOR en los cromosomas. Los especímenes analizados se capturaron en el río Paraná a la altura de Puerto Abras (Corrientes). Las preparaciones cromosómicas se obtuvieron mediante métodos directos a partir de células de la porción anterior del riñón. El cariotipo de la especie está constituido por 54 cromosomas (meta/submetacéntricos) y número fundamental igual a 108 para ambos sexos, siendo observada la ocurrencia de cromosomas Bs, los cuales varían, en número, inter e intraindividualmente. Las regiones organizadoras de nucleolos (NORs), verificadas a través de la técnica de impregnación con nitrato de plata, se localizaron en la región intersticial del brazo largo de un par de cromosomas metacéntricos, el segundo del complemento. Se observó un heteromorfismo en relación al tamaño de las regiones Ag-NORs, uno de los cromosomas presentó la NOR visiblemente mayor en relación a la de su homólogo. Estos resultados son coincidentes con estudios previos realizados por otros autores en dife-

rentes poblaciones de *P. lineatus* del Alto Paraná en Brasil. Serán necesarios realizar estudios más detallados de la especie en la Argentina para una mejor comprensión de los datos obtenidos hasta el momento.

CA 12

LOCALIZACIÓN DE LAS REGIONES ORGANIZADORAS NUCLEOLARES MEDIANTE HIBRIDACIÓN IN SITU FLUORESCENTE (FISH) EN EPILACHNA PAENULATA (GERMAR) (COLEOPTERA: POLYPHAGA: COCCINELLIDAE: EPILACHNINAE)

Sandruss Z.,¹ M. J. Bressa,¹ N. Cabrera,² A. G. Papeschi¹

¹ Laboratorio de Citogenética y Evolución, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. zulesan@gmail.com

² Div. Entomología, Museo de La Plata.

Los estudios citogenéticos en Coccinellidae son relativamente escasos y se conoce el cariotipo de sólo 4% de las aproximadamente 4000 especies nominales. El cariotipo más frecuente de la familia es $n=9+Xy_p$ (machos) (42% de las especies), considerado el cariotipo ancestral de Polyphaga. La asociación de los cromosomas sexuales durante la metafase I con la típica forma “paracaídas” de los Coleoptera ha sido explicada por la presencia de regiones organizadoras nucleolares (NOR) en estos cromosomas y ha sido corroborada en algunas especies. Sin embargo, otros investigadores han cuestionado esta hipótesis porque en otras especies la localización de las regiones NOR es autosómica. La fórmula meiótica de una población uruguaya de *Epilachna paenulata* es $n=8+Xy_p$ con siete pares autosómicos metacéntricos, y el par autosómico mayor y los cromosomas sexuales submetacéntricos. Todos los cromosomas presentaron bandas C-positivas pericentroméricas y se sugirió que la asociación del Xy_p era de naturaleza no nucleolar. En este trabajo analizamos una población de *E. paenulata* de Buenos Aires mediante tinción convencional, bandas C y FISH con una sonda de ADN ribosomal 18S.

Nuestros resultados corroboran: a) la fórmula meiótica $n=8+Xy_p$; b) la presencia de grandes bloques C-positivos pericentroméricos en todos los cromosomas, excepto en un par autosómico pequeño; c) la localización de las regiones NOR en un par de autosomas, confirmando que en esta especie la formación del Xy_p no depende de la actividad organizadora nucleolar.

CA 13

CARACTERIZACIÓN CITOGÉNÉTICA DE *CHRYSOPERLA ARGENTINA* GONZÁLEZ OLAZO & REGUILON Y *CHRYSOPERLA EXTERNA* HAGEN (INSECTA, NEUROPTERA, CHRYSOPIDAE)

Andrada A. R., E. González Olazo, M. E. Lozzia, F. Heredia

Fundación Miguel Lillo. M. Lillo 251 San Miguel de Tucumán. rubenan03@yahoo.com.ar

Las Chrysopidae se encuentran entre los Neuropteros más característicos de la Argentina, son de gran importancia económica como biocontroladores de numerosas plagas agrícolas. *Chrysoperla* incluye cuatro especies en nuestro país, de las cuales *Chrysoperla argentina* González Olazo & Reguilón y *Chrysoperla externa* Hagen son las más abundantes y se encuentran ampliamente distribuidas en las regiones de las Yunga, Selva Paranaense y el Monte. Los estudios citogenéticos sobre Chrysopidae son muy escasos y su implementación contribuirá a una correcta identificación de las especies económicamente importantes. En este trabajo se llevaron a cabo por primera vez estudios citológicos en el género *Chrysoperla* para la Argentina. Los estudios citogenéticos se efectuaron en células somáticas y testículos de machos, células somáticas de hembras y células de huevos de ambas especies; colectados a campo o criados en el laboratorio e inmediatamente fijados en alcohol 96°. La coloración se realizó con oreceína acética al 2%, previa hidrólisis en HCl 1 N 60°C; los huevos fueron coloreados sin hidrólisis previa. A los fines de establecer las diferencias existentes entre ambas especies, se confirma-

ron los siguientes parámetros: el sistema de determinación del sexo, XX-XY (♀/♂ respectivamente); el número diploide $2n = 12$ (10 + XX/XY); los cariotipos respectivos y el comportamiento meiótico de sus cromosomas. Se observó que la morfología y segregación de los cromosomas sexuales se pre-

senta de modo similar a las de otros Neurópteros. Se establece la correspondencia entre los cariotipos de *C. argentina* y *C. externa* con el tipo I de complementos cromosómicos descritos anteriormente por Canard *et al.* (1984) para Neuróptera.

Comunicaciones libres: Mutagénesis

M 1

EFFECTO DE LA BLEOMICINA SOBRE LAS SECUENCIAS TELOMÉRICAS INTERSTICIALES DE CÉLULAS CHO

Sánchez J., M. S. Bianchi, A. D. Bolzán

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, IMBICE, C.C. 403 (1900) La Plata, Argentina.

abolzan@imbice.org.ar

Se estudió el efecto del compuesto radio-mimético bleomicina (BLM) sobre las secuencias teloméricas intersticiales (STI) presentes en células de ovario de hámster chino (línea celular CHO) utilizando la técnica de Hibridación In Situ Fluorescente ("FISH") con sonda telomérica de tipo PNA. Las mayoría de las secuencias teloméricas presentes en células CHO son intersticiales y de posición centromérica. Se analizó la relación entre secuencias teloméricas y aberraciones cromosómicas (mediante "PNA-FISH") y el efecto de la BLM sobre el tamaño de las STI (mediante "Q-FISH" o "FISH cuantitativo") en células expuestas en faz logarítmica de crecimiento a concentraciones crecientes de dicho antibiótico (1-5 $\mu\text{g}/\text{ml}$, 30 minutos, 37°C) y sacrificadas a las 3 y 18 horas post-tratamiento. El análisis citogenético realizado mediante microscopía de epifluorescencia reveló que el 18,1 y el 9,5 % del total de aberraciones inducidas por BLM en células CHO sacrificadas a las 18 y 3 horas post-tratamiento respectivamente, presentó una o más señales teloméricas. La mayoría de las rupturas cromosómicas inducidas por BLM que presentaron señal telomérica tuvieron lugar en las regiones centroméricas de los cromosomas. Este hallazgo, junto con la observación de fragmentos acéntricos marcados total o casi totalmente por la sonda telomérica, indica que la BLM induce rupturas en regiones cromosómicas ricas en STI. Asimismo, nuestros resultados muestran que la BLM induce amplificación y translocación de

secuencias teloméricas y un incremento en el tamaño de las STI no relacionado con la sensibilidad cromosómica de las células expuestas a este compuesto.

M 2

ESTUDIO CITOGENETICO DE NANOPARTICULAS DE OXIDO DE TITANIO Y ALUMINIO EN CELULAS CHO-K1

Di Virgilio AL,¹ MA Reigosa,³ M Fernández Lorenzo de Mele^{1,2}

¹ INIFTA, Instituto de Investigaciones Fisicoquímicas Teóricas y Aplicadas, Diag. 113 esq 64, La Plata.

² Facultad de Ingeniería, UNLP, La Plata.

³ IMBICE, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, La Plata. cultivos@imbice.org.ar

Los óxidos de titanio (TiO_2) y de aluminio (Al_2O_3) son clasificados como biológicamente inertes tanto en humanos como en animales. Partículas de estos óxidos con dimensiones menores de 100 nm (nanopartículas) son utilizadas en artículos industriales y de consumo como pantallas solares, cosméticos, materiales dentales, etc. Sin embargo, la evaluación del riesgo toxicológico de dichas nanopartículas (NP) es un campo poco conocido que es necesario investigar. Estudios preliminares revelaron que la exposición de NP de TiO_2 (<20 nm) pueden causar inflamación, fibrosis y tumores pulmonares. El objetivo de este trabajo es estudiar los posibles efectos adversos de NP de TiO_2 y Al_2O_3 . Se realizaron estudios *in vitro* mediante ensayos de MTT y de Micronúcleos (MN) en células CHO-K1 tratadas con diferentes concentraciones de NP durante 24 h. Se observó una disminución de la actividad mitocondrial a partir de 5 $\mu\text{g}/\text{ml}$ TiO_2 y Al_2O_3 ($p < 0,001$). El ensayo de genotoxicidad reveló un aumento significativo de la frecuencia de MN dependiente de la dosis a partir de 1 $\mu\text{g}/\text{ml}$ TiO_2 y 0,5 $\mu\text{g}/\text{ml}$ Al_2O_3 ($p < 0,001$). Sin embargo, concentraciones

más altas de TiO_2 ($5 \mu\text{g}/\text{ml}$) produjeron una frecuencia de MN similar a la del control, probablemente por la disminución del número de células producto de un marcado efecto citotóxico. Pudo concluirse que los efectos cito- y genotóxicos de las NP dependen de la composición química y de la concentración de partículas ensayadas.

M 3

EFFECTOS INDUCIDOS POR IONES COBRE SOBRE CELULAS OSTEOLASTICAS (UMR-106)

Grillo C.A.,¹ M. A. Reigosa,² R. H. Pérez,³

M. Fernández Lorenzo¹

¹ Instituto de Investigaciones Fisicoquímicas Teóricas y Aplicadas (INIFTA) CC 16, Sucursal 4, 1900 La Plata, Argentina.

² Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) Calle 526 e/ 10 y 11. 1900 La Plata, Argentina. miguelreigosa@hotmail.com

³ Centro de Investigación y Desarrollo en Tecnología de Pinturas (CIDEPI) Calle 52 e/ 121 Y 122. 1900 La Plata, Argentina.

El propósito de este trabajo fue evaluar los efectos de distintas concentraciones de iones cobre (cCu) liberadas por biomateriales, sobre células osteoblásticas de la línea UMR-106. Los extractos con iones cobre (Ext_t) se obtuvieron por disolución de discos de cobre metálico en medio de cultivo D-MEM con 10% de Suero Fetal Bovino a 37°C durante seis períodos (t) entre 1 a 24 h. Con dichos Ext_t se cultivaron las células por 24 h a fin de evaluar la citotoxicidad a través del ensayo de Rojo Neutro (RN) y el daño en el ADN mediante el ensayo Cometa, en su versión alcalina. El contenido de colágeno se examinó por el ensayo colorimétrico de Sirius red (SR) después de cultivar las células durante 7 días en presencia de los diferentes Ext_t . La cCu se midió por espectrofotometría de absorción atómica obteniendo valores entre 3,6-23,5 mg/L. Los resultados obtenidos con RN evidenciaron un significativo efecto citotóxico con el Ext_{24} (cCu $23,5 \pm 0,2 \text{ mg}/\text{L}$) ($p < 0,001$). Paralelamente, con el ensayo de SR se observó una disminución

significativa del contenido de colágeno en presencia del Ext_{24} ($p < 0,001$). El análisis del ensayo cometa (300 imágenes por punto experimental) mostró que el Ext_{12} (cCu $13,3 \pm 0,25 \text{ mg}/\text{L}$) induce daño leve ($p < 0,001$) y con el Ext_{24} se observó más de un 60 % de células en apoptosis. Estos resultados indicarían un efecto genotóxico para la cCu del Ext_{12} y citotóxico para Ext_{24} en la línea celular utilizada.

M 4

MODULACION DE LA SUPERVIVENCIA Y DE LA APOPTOSIS EN CELULAS LINFOBLASTOIDEAS HUMANAS TRATADAS CON CISPLATINO Y COMPUESTOS TIOLICOS

Román C. L., J. V. Fay, S. M. Richard, D. M. López-Larrazza

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis. IMBICE CIC CONICET. La Plata, Buenos Aires.

srichard@imbice.org.ar

El cisplatino (CDDP) es una droga que produce aductos en el ADN, se utiliza con frecuencia para el tratamiento de varios tipos de cánceres humanos. Los tioles, antioxidantes, pueden reaccionar con el CDDP. Estudiamos el efecto de distintos tioles sobre la supervivencia y apoptosis inducidas por CDDP en células linfoblastoideas humanas. Las células fueron tratadas con glutatión (GSH, carga negativa, 10mM), cisteamina (CSM, carga positiva, 10mM), cisteína (CYS, carga neutra, 10mM), ditiotreitól (DTT, carga neutra, 5mM), beta-mercaptoetanol (BME, carga neutra, 10mM) 30 minutos antes del tratamiento con CDDP. La CL50 del CDDP fue de $7 \mu\text{M}$. La adición de GSH, CSM, CYS, DTT y BME provocaron un aumento de la supervivencia celular. Por otro lado, el tratamiento con sulfoxin butionina (BSO), que elimina el 95% del GSH, no produjo cambios significativos respecto a lo observado con la CL50. La apoptosis disminuyó en un 50% con GSH, mientras que la BSO no mostró cambios significativos con respecto a lo observado con la CL50 sola. El aumento de la supervivencia celular por los tioles podría deberse a una disminución del estrés

oxidativo secundario provocado por el CDDP y a la eliminación del CDDP de la célula por GSH. El evento principal durante la apoptosis es una baja generalizada del GSH. El agregado del GSH en estos ensayos sería responsable de la disminución de la apoptosis que provoca el CDDP.

M 5

ESTUDIOS PRELIMINARES DE LOS EFECTOS GENOTÓXICOS DEL MALATION EN *RHAMDIA QUELEN* (SILURIFORMES, PIMELODIDAE)

Cowper Coles F., L. C. Jorge

Instituto de Ictiología del Nordeste, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste, Pcia. de Corrientes.

francisco_cowpercoles@hotmail.com

La Genética Toxicológica, evalúa efectos genotóxicos en potencia, considerados pre-requisitos importantes para el desenvolvimiento de efectos adversos a la salud, como el cáncer. Las pruebas en toxicidad genética son utilizadas, para evaluar el espectro toxicológico de compuestos químicos y medicamentos. En los últimos años ha tenido mucha importancia el monitoreo de los xenobióticos en el medio ambiente, debido a la posible persistencia de la actividad biológica de muchos de estos compuestos. Los peces son particularmente blanco de la contaminación, al ingerir sustancias contaminadas desarrollan alteraciones como resultado de la bioacumulación. Estos son utilizados como bioindicadores de contaminación en ecosistemas acuáticos. El objetivo del presente trabajo fue determinar el posible efecto genotóxico del Malation, a través de la detección de daño cromosómico mediante la evaluación de inducción de micronúcleos en eritrocitos. Una vez establecida la CL 50, se procedió a realizar los bioensayos en ejemplares de *Rhamdia quelen*. Para la detección de micronúcleos (MN) en sangre periférica se siguió la técnica propuesta por Schmid (1975). En los especímenes de *R. quelen* tratados con Malation, se observó la presencia de MN, no así en los individuos pertenecien-

tes a los acuarios control. A pesar que los datos son preliminares, la detección de MN en eritrocitos lleva a pensar que el Malation podría ser el responsable de la presencia de los mismos, debido a su hallazgo después de la exposición crónica al pesticida.

M 6

USO Y EFECTOS DE LA EXPOSICIÓN A PLAGUICIDAS EN LA PROVINCIA DE CÓRDOBA

Mañas F.,^{1,2} N. Gorla,^{1,2} L. Peralta,² B. Bosh,³ N. Gentile,³ D. Aiassa³

¹ CONICET. ngorla@ayv.unrc.edu.ar

² Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC).

³ Facultad de Ciencias Exactas FQN, UNRC.

El objetivo de este trabajo es indagar sobre el plaguicida empleado, la percepción del riesgo al uso y sus posibles efectos sobre la salud de fumigadores de la Provincia de Córdoba. Se entrevistaron y realizaron ensayos de aberraciones cromosómicas (AC), micronúcleos (MN) y cometa en sangre a 12 fumigadores y a un grupo de referencia concordante. La edad promedio del grupo expuesto fue 37,2+12,4 años. El 54% de los trabajadores no utiliza ninguna medida de protección al manipular plaguicidas, el 33% usa guantes y barbijo, el 13% sólo usa guantes y ninguno efectúa el triple lavado de los envases. El 56% presentó al menos un síntoma (tos, rinitis, gastritis, conjuntivitis, bronquitis, náuseas, dermatitis) tras la aplicación. Los plaguicidas más usados son glifosato, cipermetrina, 2-4D, endosulfán, atrazina, clorpirifós. En el grupo de trabajadores y el grupo de referencia los valores promedios respectivos fueron: de AC 6,5+3,2 y 2,0+1,6 AC/100metafases; de MN 17,0+4,3 y 7,62+2,2 MN/1000células binucleadas y el daño al ADN (momento de la cola) 3820+2630 y 317,9+535,2 unidades arbitrarias. Se observó una diferencia estadísticamente significativa entre los dos grupos estudiados ($p < 0,05$) en los tres ensayos. No se encontró correlación entre la edad y la genotoxicidad analizada. A partir de la informa-

ción obtenida de los ensayos de genotoxicidad y del uso de plaguicidas se instrumentaron estrategias de intervención educativa a través de talleres y material de divulgación para posibilitar la introducción de cambios en la manipulación de plaguicidas y contribuir al cuidado de la salud humana y ambiental.

M 7

GENOTOXICIDAD DEL PRINCIPIO ACTIVO GLIFOSATO EN *CAIMAN LATIROSTRIS* (YACARÉ OVERO)

Poletta G. L.,^{1,2,3,4} A. Larriera,^{1,5,6} E. Kleinsorge,² M. D. Mudry^{3,4}

¹ Proyecto Yacaré, (Gob. de Santa Fe/MUPCN), Sta. Fe. gpoletta@fbc.unl.edu.ar

² Cat. Toxicol., Farmacol. y Bioq. Legal, FBCB-UNL, Sta. Fe.

³ CONICET.

⁴ Grupo Inv. Biol. Evol. (GIBE) FCEyN-UBA, Bs. As.

⁵ Cat. Man. Flora y Fauna Silv., FHUC-UNL, Sta. Fe.

⁶ Sec. Med. Amb. M.A.S.P.y M.A., Prov. Sta Fe.

En la última campaña agrícola en nuestro país se liberaron al ambiente 260 millones de litros de Glifosato como formulación comercial. En estudios realizados previamente hemos demostrado el efecto genotóxico y alteraciones del desarrollo en una especie de fauna silvestre, el yacaré overo (*Caiman latirostris*), luego de exposición a la formulación comercial de Glifosato Roundup, así como a su combinación con formulaciones de Endosulfán y Cipermetrina, tal como se aplica en las prácticas agrícolas actuales. En esta instancia evaluamos, en iguales condiciones que las anteriores, el efecto producido por el principio activo puro, Glifosato, a concentraciones equivalentes a aquellas determinadas como efectivas para la formulación. Se utilizaron 60 embriones de *C. latirostris* distribuidos en: grupo control negativo (CN), no expuesto, grupo control positivo (CP), expuesto a Ciclofosfamida 700 µg/huevo y tres grupos expuestos a 750, 1250 y 1750 µg/huevo de Glifosato puro respectivamente. Inmediatamente luego del nacimiento, se extrajo sangre de cada ejemplar y se

aplicaron el test de Micronúcleos y el Ensayo cometa. Los resultados indicaron que las tres concentraciones evaluadas de Glifosato puro indujeron daño al ADN mostrando un incremento significativo respecto al CN ($p < 0,05$) y valores similares a los obtenidos con el CP. Estos resultados demuestran que a pesar de haber sido considerado inicialmente como levemente tóxico para la fauna silvestre, el Glifosato induce efectos indeseados en especies que están constantemente expuestas en sus ambientes naturales y dichos efectos se manifiestan tanto con la formulación comercial como mezcla, como con el principio activo puro.

M 8

GENOTOXICIDAD DE N-NITROSO-N-ETILUREA (ENU) EN LA MACRÓFITA ACUÁTICA *BIDENS LAEVIS* L.

Lukaszewicz G.,¹ D. J. Pérez,^{1,3} M. L. Menone,^{1,3} E. L. Camadro^{2,3}

¹ Laboratorio de Ecotoxicología. Depto Cs. Marinas. Fac. Ex. y Nat. UNMdP. lukas@mdp.edu.ar.

² Laboratorio de Genética. Estación Experimental Agropecuaria Balcarce (INTA). Fac Cs Agrarias. UNMdP.

³ CONICET.

La macrófita acuática *Bidens laevis* posee características de crecimiento y citológicas apropiadas para ensayos de genotoxicidad, así como sensibilidad a endosulfán, metil metanosulfonato e hidrazida maleica. Con el fin de analizar la sensibilidad de esta especie al reconocido agente mutagénico N-nitroso-N-etilurea (ENU) y, al mismo tiempo, generar datos novedosos para la literatura, se plantearon los siguientes objetivos: (a) evaluar la frecuencia de aberraciones cromosómicas en anafase-telofase (ACAT), la frecuencia de metafases anormales (MA) y el índice mitótico (IM), y (b) analizar el número total de nucleolos en plántulas de *B. laevis* expuestas a diferentes concentraciones de ENU. Las plantas (n=8) se expusieron a concentraciones de 0 (control), 0,1, 0,5 y 1,0 mM de ENU durante dos horas. Luego de la recuperación (24 hs en solución Hoagland),

las raíces se fijaron en etanol-ác. acético (3:1, v/v), se conservaron en etanol 70%, se tiñeron con reactivo de Feulgen y se usó la técnica de aplastamiento para la posterior observación microscópica. El IM disminuyó significativamente en plantas expuestas a concentraciones de 0,5 mM y 1,0 mM con respecto al control ($p < 0,05$). Se detectó un incremento significativo de MA y de ACAT a 1,0 mM ($p < 0,05$), debido a efectos aneunogénicos y clastogénicos del ENU. Se detectó un incremento significativo del número total de nucleolos a 0,1 mM, lo que indica también un efecto citotóxico. Estos resultados amplían el conocimiento sobre la sensibilidad de *B. laevis* y su potencial para ser usada como especie modelo en la detección de contaminantes ambientales genotóxicos de ecosistemas acuáticos.

M 9

EVALUACION GENOTOXICA DEL INSECTICIDA-ACARICIDA AMITRAZ

Ponzinibbio M. V.,^{1,4} G. Padula,¹ A. Seoane^{1,4}

¹ IGEVET, Fac.Cs.Veterinarias, UNLP-CONICET.
mvponzi@hotmail.com

² IMBICE.

³ ANPCYT.

⁴ CONICET.

Amitraz es el nombre comúnmente utilizado para la N'-(2,4-dimetilfenil)-N-[(2,4-dimetilfenil)-imino)-metil]-N-metilmetanimidiamida. Este compuesto es ampliamente utilizado en el área de la agricultura y la medicina veterinaria con carácter de acaricida e insecticida. El objetivo del presente trabajo fue la evaluación in vitro de los riesgos genotóxicos asociados a su utilización. Para tal fin se utilizaron cultivos en monocapa de la línea celular CHO K-1 tratados con el producto comercial Azadieno en las siguientes concentraciones finales: 1,25, 2,5, 3,75 ug/ml, durante un ciclo celular (14-16 hs.). Al término del tratamiento las células fueron analizadas por medio del ensayo cometa, test de micronúcleos y ensayo clonogénico. Las diferencias en los niveles de daño del material genético, medidas a través del ensayo

cometa, fueron significativas en las tres dosis empleadas, tanto entre sí como con respecto al control. Estas diferencias se observaron también en el análisis de la frecuencia de micronúcleos. En cuanto a la capacidad de las células para formar colonias, estimada a través del ensayo clonogénico, se observó que la misma disminuye a medida que se elevan las dosis utilizadas. Los resultados presentados reflejan que el Azadieno es capaz de disminuir la capacidad de proliferación celular e inducir daño en el material genético aún a muy bajas concentraciones. De todos modos, es importante destacar que los resultados encontrados son preliminares, ya que se trabajó con el producto comercial. Será necesario desarrollar experiencias con la droga pura y con fracción mitocondrial para obtener resultados más concluyentes acerca de la genotoxicidad de este producto.

M 10

EFFECTO RADIOPROTECTOR DEL GLUTATION EN CÉLULAS CHO IRRADIADAS CON BAJAS DOSIS DE RAYOS X

De Luca J. C.,¹ M. V. Ponzinibbio,¹ A. I. Seoane,¹ D. Lopez-Larrazza²

¹ Instituto de Genética Veterinaria "Fernando Noel Dulout" (IGEVET). Facultad de Ciencias Veterinarias. (UNLP). 60 y 118 s/n. CC. 296. 1900 La Plata. jdeluca@fcv.unlp.edu.ar

² Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) (CICPBA-CONICET), La Plata, Argentina.

El glutatión es un efectivo radioprotector a dosis altas de radiaciones ionizantes. En el presente trabajo se analizó el posible efecto protector de este tiol en células tratadas con dosis bajas de rayos X. Para tal efecto se llevó a cabo el análisis de aberraciones cromosómicas estructurales y el ensayo de electroforesis de una sola célula. Se realizaron 4 tratamientos: 1) control; 2) glutatión 5mM; 3) 100 mSv y 4) glutatión 5mM + 100 mSv. Las células se cultivaron durante un ciclo celular. En los tratamientos 2 y 4 el glutatión se dejó durante todo el cultivo. El porcentaje de células anormales observadas en

el tratamiento con 100 mSv de radiación fue de $8,0 \pm 0,5$, mientras que en el de 100 msv + glutatión fue de $4 \pm 0,5$, ($P < 0,05$). El índice de daño del ensayo cometa para 100 mSv fue 44/400 y para 100 mSv + glutatión fue de 23/400, ($P < 0,05$). Estos resultados sugieren que el glutatión tiene efecto radioprotector cuando las células se tratan con dosis bajas de radiación ionizante. Este efecto podría deberse a: a) neutralización de radicales libres producidos durante la radiolisis del agua; b) estabilización de la reparación enzimática del ADN; c) reparación química del ADN (cesión de un protón desde el tiol a la desoxirribosa oxidada por los radicales libres). El evento c es poco probable debido a la naturaleza negativa e hidrófila del glutatión que provocaría una repulsión electrostática del surco menor del ADN que es negativo e hidrófobo.

M 11

EFFECTO DE COMPUESTOS TIOLICOS SOBRE LA SUPERVIVENCIA CELULAR Y LA APOPTOSIS INDUCIDAS POR BLEOMICINA EN CELULAS LINFOBLASTOIDEAS HUMANAS

Fay J. V., C. L. Román, S. M. Richard, D. M. Lopez-Larrazza

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis. IMBICE CIC CONICET, La Plata, Pcia. de Buenos Aires. srichard@imbice.org.ar

La Bleomicina es un compuesto radiomimético y se esperaría que los tioles (radioprotectores) protejan a las células contra sus efectos genotóxicos. Se analizó la influencia de tioles no proteicos de diferente carga y composición química sobre la supervivencia celular y apoptosis inducidas por Bleomicina. La supervivencia se estudió por determinación de la concentración letal 50 (CL50) (exclusión con colorante azul trípiano y apoptosis por tinción con DAPI). Determinada las CL50 se analizó la variación de los porcentajes de supervivencia celular y apoptosis en presencia de BSO (10Mm) y los tioles β -mercaptoetanol (carga 0) (BME), glutatión (carga negativa) (GSH), cisteína (car-

ga 0) (CYST), cisteamina (carga +) (CSM), y ditiotreitól (carga 0) (DTT) (todos 10 mM), agregados 30' antes del tratamiento con BLM (CL50=300ug/ml). Nuestros resultados demuestran que la adición de GSH y CYS produjo un aumento de la supervivencia inducida por BLM, mientras que la CSM, BME, DTT y BSO potenciaron la acción de la droga. El DTT potenció la apoptosis, mientras que los demás tioles la disminuyeron. La potenciación podría explicarse por la capacidad de los tioles de reducir el hierro del complejo BLM-Fe reestableciendo su forma activa. La reducción de la citotoxicidad se debería a reparación química de los carbonos de la desoxirribosa y neutralización de los radicales libres generados por la droga. Estos resultados reflejarían un balance entre estos procesos. Durante la apoptosis se produce una baja generalizada del GSH, la cual podría ser compensada en estos ensayos por el agregado externo de GSH y demás tioles.

M 12

DETERMINACIÓN PRELIMINAR DE LAS FRECUENCIAS BASEALES DE MICRONÚCLEOS *IN SITU* EN ALGUNAS ESPECIES DE PECES DEL RÍO PARANÁ

Fenocchio A. S., J. D. Caffetti, E. M. García, G. N. A. Furnus, M. C. Pastori

Universidad Nacional de Misiones, Depto de Genética, Cátedra de Citogenética General. Félix de Azara 1552. [3300]. Posadas, Misiones, Argentina. citog@fceqyn.unam.edu.ar

La abundante fauna íctica del Río Paraná hace necesario seleccionar aquellas especies que resulten buenos bioindicadores de las condiciones ambientales *in situ* para así aportar información relevante acerca del estado de calidad de sus aguas. Una de las técnicas citogenéticas más sencilla para tal fin es el Test de Micronúcleos. En función de la diversidad observada y la captura media en el sitio de muestreo, se propone analizar las frecuencias basales *in situ* de Micronúcleos (MN) y Alteraciones de la Morfología Nuclear (AMN) en especies nativas de peces del

Río Paraná mediante muestreos realizados en balnearios de la ciudad de Posadas entre los meses de Febrero- Abril de 2009. La técnica fue conducida mediante extracción de sangre de la vena caudal, realización de frotis, fijación en metanol y coloración con Giemsa. Las especies más frecuentes en las capturas y analizadas fueron *Crenicichla niederleinii*, *Astyanax bimaculatus*, *Apareiodon affinis*, *Strongylura microps*, *Schizodon nasutus* y *Leporinus obtusidens*. Entre ellas *Astyanax bimaculatus* presentó frecuencias de MN y AMN más elevadas, siendo además la especie más abundante en las capturas. En estas condiciones, *A. bimaculatus* aparece como un potencial bioindicador, sujeto a posterior confirmación a través de estudios *in situ* y bioensayos. Por otra parte, la presencia de *Strongylura microps* en los muestreos es indicadora de buena calidad de agua, debido a sus exigencias ecológicas. Esto último, sumado a las bajas frecuencias basales de MN y AMN obtenidas *in situ* para todas las especies analizadas, permitiría inferir buenas condiciones para el habitat de estos grupos.

M 13

PARTICIPACIÓN DIFERENCIAL DE REUNIÓN DE EXTREMOS NO HOMÓLOGOS (NHEJ) Y RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA (HR), EN EL CONTEXTO DEL CICLO CELULAR, PARA PROTEGER LA INTEGRIDAD CROMOSÓMICA FRENTE A LOS VENENOS DE TOPOISOMERASA II (TOPOII)

Elguero M. E., M. de Campos Nebel, I. Larripa, M. González Cid

Depto de Genética. IIHema. Academia Nacional de Medicina. Buenos Aires.

margoncid@hematologia.anm.edu.ar.

Idarubicina (IDA) y etopósido (ETO), venenos de topoII, estabilizan los complejos ADN-enzima generando rupturas de doble cadena (RDC) persistentes en el genoma. En organismos eucariotas, dos vías principales reparan estas lesiones: NHEJ y HR. Si las RDC permanecen sin reparar o son mal reparadas conducirían a pérdidas o rearreglos

cromosómicos. Nuestro objetivo fue analizar la contribución de NHEJ y HR en impedir la aparición de aberraciones cromosómicas (AC) y de micronúcleos (MN) a lo largo del ciclo celular. Las líneas celulares de hámster chino XR-C1 (deficiente en NHEJ) y V-C8 (deficiente en HR) y sus respectivas líneas isogénicas parentales CHO9 y V79 fueron tratadas con IDA 0,005 μ g/ml y ETO 5,0 μ g/ml en diferentes fases del ciclo. El análisis de las AC en 100 metafases siguientes al tratamiento, reveló un aumento de roturas totales en células XR-C1 tratadas en la fase G1, y en células XR-C1 y V-C8 tratadas en G2 en relación a sus líneas parentales respectivas. Los MN evaluados en 1.000 células interfásicas luego del tratamiento mostraron, en células tratadas en G1, un aumento en XR-C1 con respecto a CHO9. Mientras que, el tratamiento en S y G2 resultó en un aumento de MN en V-C8 y en pérdida de viabilidad o arresto en G2/M en XR-C1. Los resultados indican que NHEJ y HR contribuyen diferencialmente a lo largo del ciclo celular en impedir la propagación de la inestabilidad cromosómica generada por los venenos de topoII: NHEJ actúa en todas las fases y HR en las fases S y G2.

M 14

ESTUDIO DE ABERRACIONES CROMOSÓMICAS EN PERSONAS EXPUESTAS AL CONSUMO DE AGUA CON ALTOS NIVELES DE NITRATO EN BARRIOS DE LA ZONA NORTE DE LA CIUDAD DE MAR DEL PLATA (ALTO CAMET, LAS DALIAS Y PARQUE PEÑA)

Poli M. N.,¹⁻² L. A. López Miranda,² P. Fernández Iriarte,¹ G. J. Zanier,² C. E. Iudica²

¹ Laboratorio de Genética, Depto Biología FCEyN, Universidad Nacional de Mar del Plata.

² Asociación de Genética Humana (AGHU) Mar del Plata. noeliamdp@gmail.com

Se ha demostrado que existe una relación entre la exposición a diferentes tipos de agentes y mutaciones en células somáticas o germinales. Uno de estos agentes, el nitrato (NO₃) puede ser potencialmente genotóxico

en individuos que consumen agua de pozo con alto contenido en este compuesto por carecer de servicios de agua de red, lo que puede tener impacto en su salud. El objetivo de este trabajo es investigar el posible daño cromosómico en las células somáticas de las personas que habitan los barrios Alto Camet, Las Dalias y Parque Peña, de la zona norte de la ciudad de Mar del Plata expuestas al consumo de aguas con altos niveles de nitratos. Se realizaron pruebas diagnósticas para detectar posibles alteraciones genéticas y/o cromosómicas. Como control se utilizó una población no expuesta. Se determinó la frecuencia de Intercambio de Cromátides Hermanas (ICH), Micronúcleos (Mn), el Índice de Replicación (IR) y la presencia de Aberraciones Cromosómicas (AC). Los resultados mostraron un incremento significativo de la frecuencia de Mn (H de Kruskal-Wallis= 23.79, gl= 1, $p < 0.001$) y la presencia de AC (trisomía cromosoma 9, anillos, fracturas y fragmentos cromosómicos) en las personas expuestas; evidenciando daño del material genético. Este daño genético estaría relacionado con la exposición a aguas con alto contenido de nitratos, constituyendo un riesgo potencial para la salud de las personas expuestas. Sin embargo, no sería posible inferir que sea la única causa que contribuya a los efectos mutagénicos observados.

M 15**MUTAGÉNESIS EN CÉLULAS DE HAMSTER CHINO EXPUESTAS CRÓNICAMENTE A DOSIS BAJAS DE RADIACIÓN IONIZANTE****Ponzinibbio M. V.,¹⁻² D. Lopez Larraza,²⁻³ P. Peral García¹ y A. Seoane¹⁻²**¹ IGEVET, Fac.Cs.Vet, UNLP-CONICET.² CONICET. mvponzi@hotmail.com³ IMBICE (CIC-CONICET).

El presente trabajo fue realizado con la finalidad de comparar el efecto de la exposición crónica a dosis bajas de radiación ionizante en dos líneas celulares de la misma especie: una transformada, epitelial y aneuploide: CHO; la otra originada de un cultivo primario, fibroblástica, diploide y no transformada: CHED. Se recreó la exposición mediante un modelo *in vitro*. Las células se irradiaron con 50 mSv cada 24 horas, durante 10 días. Se emplearon dos metodologías de análisis, el ensayo de electroforesis de una sola célula y el análisis de micronúcleos en células binucleadas. El análisis se llevó a cabo inmediatamente después de la primera irradiación (Día 0) y al final del experimento (Día 10). Se observó un aumento del daño en el ADN de las células irradiadas con respecto al control, tanto en el día 0 como en el día 10 en ambos tipos celulares. En las células CHO no hay diferencias significativas entre el daño en los dos momentos, mientras que en las CHED el daño en el ADN es mayor en el día 10 que en el día 0. Los resultados aquí presentados permiten sugerir que es posible ver el efecto del tratamiento crónico en el período de tiempo empleado y que las células provenientes de cultivo primario presentan una mayor sensibilidad. Por otra parte, si bien se considera que 50 mSv es la dosis umbral de exposición crónica, esta fue capaz de producir daño en el ADN en nuestras condiciones experimentales.

Comunicaciones libres: Genética y mejoramiento animal

GMA 1

DETECCIÓN DE QTLs PARA
CARACTERÍSTICAS LANERAS EN EL
CROMOSOMA 1 DE OVINOS MERINO
PATAGÓNICOS

Dodero A. M.,¹ F. Bidinost,² D. L. Roldan,¹ H. R. Taddeo,² M. A. Poli¹

¹ Instituto de Genética "Ewald Favret", CICVyA-INTA, Castelar, Pcia. de Buenos Aires.
adodero@cni.inta.gov.ar

² EEA "Greenville Morris", Bariloche-INTA, Pcia. de Río Negro.

Las características de producción y calidad de la lana son variables importantes en los programas de selección en ovinos Merinos. La utilización de información a nivel del ADN asociado a estas características permitiría obtener mayor precisión en la predicción del mérito genético de los reproductores y su posterior utilización en esquemas de mejoramiento.

El objetivo del trabajo fue la búsqueda de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) en el cromosoma 1 asociados a características de la lana en ovinos Merino. El diseño experimental comprendió 10 familias de medios hermanos paternos con un total de 620 crías. Se utilizaron 9 microsatélites esparcidos con una distancia promedio de 20cM. Durante 2 años se registraron 24 características fenotípicas. Las variables fueron pre-corregidas por los efectos fijos de sexo, año, tipo de nacimiento y tratamiento nutricional, utilizando el procedimiento GLM "SAS". Para el análisis de ligamiento se utilizó una regresión por intervalos múltiples a través de la versión web del programa *GridQTL*. Se detectó un QTL para la característica resistencia a la tracción a la segunda esquila segregando en 3 familias, relacionado al marcador BM3205 a 293,80cM en el cromosoma 1, con un efecto de sustitución entre 2,20 y 7,91 unidades de desvío estandar (DS) de la

característica. Antes que estos resultados puedan ser aplicados, sería necesaria su confirmación por medio de un mapeo fino de la región.

GMA 2

ASOCIACIÓN DE MARCADORES DEL BTA5
CON EBVS DE CRECIMIENTO Y GRASA

Rogberg Muñoz A.,¹ P. Prando,² E. E. Villegas,¹ M. V. Ripoli,¹ P. Peral García,¹ A. Baldo,² M. C. Añón,³ G. Giovambattista¹

¹ Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET) CCT La Plata - Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata - CONICET. Calle 60 y 118 s/n - La Plata, 1900, CC 296.
arogberg@yahoo.com.ar

² Cátedra de Zootecnia Especial (II Parte), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. Calle 60 y 118 s/n - La Plata, 1900, CC 296.

³ Centro de Investigación y Desarrollo en Criotecología de Alimentos (CIDCA) CCT La Plata - Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata - CIC - CONICET. Calle 47 y 116 - La Plata, 1900.

La búsqueda de QTLs en el cromosoma 5 bovino en sistemas intensivos ha dado como resultado el hallazgo de QTLs relacionados con crecimiento y grasa. El objetivo del presente trabajo consistió en asociar 1 microsatélite (BP1) ligado al factor 5 de crecimiento de miocitos (*Myf5*), y tres microsatélites (ETH10, IGF1 y RM029) ligados al factor de crecimiento similar insulina 1 (IGF1) con EBVs de crecimiento y grasa [peso al nacer (BW), peso a los 200 (W200), 400 (W400) y 600 (W600) días, área de ojos de bife (REA), grasa en la 13ª costilla, grasa de cadera y grasa intramuscular (IMF)] en un rodeo comercial Hereford criado en un sistema pastoril. Se muestrearon 90 animales, y se utilizó el pedigrí de 1754 individuos para inferir genotipos. Esta estrategia permitió obtener un 21%

de genotipos adicionales e incluir 82% más animales en la asociación, la que se realizó por un modelo lineal (GLM de SAS) considerando a los genotipos como efectos fijos. El test resultó significativo ($P = 0.05$) para BP1 y REA; ETH10 y grasa de costilla, grasa de cadera; IGF1 y BW, W200, W600. Se encontró una tendencia ($P = 0.1$) entre BP1 y W400, W600; y entre RM029 y BW, W600. Al considerar los genotipos en conjunto y las fases para el IGF1 y RM029, la asociación se hizo más significativa para BW; para ETH10 e IGF1, la asociación se hizo más significativa para W200, W400 y W600. Esto sugiere un posible efecto de diferentes genes sobre el peso al nacer y el resto de los caracteres de crecimiento. La asociación entre BP1 y REA apoyaría la hipótesis de que *Myf5* es uno de los genes responsables para el desarrollo muscular en ganado.

GMA 3

IDENTIFICACIÓN DE UN SNP DEL GEN DE LA APOLIPOPROTEÍNA VLDL-II EN UNA MUESTRA DE POLLOS CAMPEROS INTA

Silvestro C. A.,¹ Arceo M. E.,¹ Aguilera M.,¹ Huguet M. J.,¹ Canet Z. E.,² Fain Binda V.,² Miquel M. C.,¹ Iglesias G. M.¹

¹ Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires.

carolinasilvestro@yahoo.com.ar

² EEA, INTA Pergamino.

El objetivo del siguiente trabajo fue la identificación de un SNP (alelo A y G) en el gen de la Apolipoproteína VLDL-II (apoVLDL-II), en una muestra de animales de la línea paterna (G1 y G2) que da origen a los pollos Camperos INTA. Es un gen candidato que explicaría parte del crecimiento y el peso, siendo el alelo G el más favorable en parrilleros. Se analizaron 174 animales de la G1 y 65 de la G2, amplificando por PCR un fragmento de 492 pb de la región 5' no codificante del gen, con los primers descritos por la bibliografía. El SNP consta de un cambio de G/A en la posición 634 de la secuencia V00448 del GenBank. Las variantes se distinguen por restricción del amplicón

con *Sfc-I* dando el alelo G dos fragmentos de 396 y 96 pb, y el A solo uno de 492pb. La frecuencia alélica fue de 0,87 y 0,13 en G1 y de 0,82 y 0,18 G2 para el alelo G y A respectivamente. El peso corregido no mostró diferencias significativas ($P > 0,05$) en G1 ni en G2. Sin embargo los promedios de peso de los genotipos AA, AG y GG fueron $2290,58 \pm 271.08303$, $2634,68 \pm 75.53609$ y $2740,64 \pm 43.19125$ respectivamente para G1 y en G2 para GA y GG $2476,35 \pm 56,24$ y $2421,56 \pm 41,88$ (no hallándose animales con genotipo AA). Esto podría explicarse por el escaso tamaño de la muestra estudiada y a la elevada frecuencia del alelo favorable para pollos parrilleros, por la selección fenotípica por peso que se realizó.

GMA 4

COMPOSICIÓN E IDENTIFICACIÓN DE LOS GRUPOS RACIALES DE CABRAS (CRIOLLAS Y MESTIZAS) DE LA ZONA DE TUMBAYA GRANDE (JUJUY, ARGENTINA) EN BASE AL PERFIL MORFOMÉTRICO

Zerpa C. M., N. S. Moreno, N. R. David, G. Simón, E. C. Gonzalez, G. Thiwissen, J. A. Bárbarich

Cátedras de Genética. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Jujuy. Pcia. de Jujuy. Cátedra de Genética. Facultad de Agronomía y Agroalimentos. Universidad Nacional de Santiago del Estero. Pcia. de Santiago del Estero. cmzerpa@yahoo.com.ar

Se realizó un muestreo ($n=146$) de la población caprina de la zona Tumbaya Grande (Jujuy), y se tomó una tropa de 20 animales Anglo Nubian de la provincia de Salta. Se registraron 14 variables morfométricas en hembras mayores de tres años. El objetivo fue identificar cabras Criollas y Mestizas (criollas x Anglo Nubian) en base al perfil morfométrico, tomando como referencia la raza estandarizada (Anglo Nubian). La diferencias fueron altamente significativa ($p > 0,01$) cuando se compararon cada una de las variables entre grupos raciales, los animales criollos y mestizos agruparon juntos para las variables relacionadas con el espesor de los huesos (ACPS, ACPO y PM) y el diámetro bicostal, y lo mismo ocu-

rrió entre Anglo Nubian y mestizas para el largo de anca (LA). Se identificaron significativamente (92 %) los tres grupos raciales basándose en el análisis discriminante, los animales criollos fueron clasificados correctamente en un 83,03 %, las mestizas en un 97,5 % y las Anglo Nubian en el 100 % de los casos. Las variables que mejor discriminaron fueron el largo de cabeza (Lc), todas las variables relacionadas con el anca (AAA, AAP, LA), longitud del cuerpo (LC) y perímetro de menudillo (PM), y las que no tuvieron significancia fueron el diámetro dorsoesternal (DD), altura el hueco restroesternal (AHR), perímetro de torax (PT) y altura a la cruz (AC). El 57,6 % de las cabras muestreadas fueron mestizas, mostraron mayor homogeneidad que las cabras criollas y en general mostraron valores intermedios entre criollas y Anglo Nubian.

GMA 5

CARACTERIZACION DEL GEN LEPTINA EN LLAMA (*LAMA GLAMA*) E IDENTIFICACIÓN DE POLIMORFISMOS DEL EXON 3

Di Rocco F., M. S. Daverio, L. Vidal Rioja

Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE)
La Plata, Pcia de Buenos Aires.
genmol@imbice.org.ar

Los Camélidos Sudamericanos son especies poliproductoras siendo la carne y la fibra los productos de mayor utilidad económica. El creciente interés de estos animales a nivel mundial contrasta con la poca información genética disponible para mejorar su rendimiento. Con tal motivo hemos iniciado un programa de estudio de genes candidatos asociados a caracteres productivos.

La Leptina, hormona proteica codificada por el gen Ob, cumple roles importantes en la regulación del peso corporal, en la reproducción y en la inmunidad. En bovinos y porcinos se han descrito polimorfismos (SNP) de este gen asociados a características como ganancia de peso, composición grasa y comienzo de la actividad ovárica después de la parición.

El objetivo de este trabajo fue obtener las

secuencias del intrón 2 y exón 3 del gen de Leptina en llamas e identificar SNPs en esta última región.

Para ello se amplificaron por PCR estos dos fragmentos y se secuenciaron en forma automática. El exón 3 mostró 94 % y 92 % de similitud con las secuencias de vaca y cerdo respectivamente mientras que el intrón 2 resultó mucho menos conservado. Para estudiar la existencia de polimorfismos en llamas, se analizó el exón 3 en una muestra de 20 animales tomados al azar de tres poblaciones diferentes. Así identificamos 3 SNPs, concentrados en las últimas 60 pb del exón. La información obtenida es útil para desarrollar marcadores aplicables en estudios de asociación fenotipo-genotipo.

GMA 6

DETECCIÓN DE POLIMORFISMOS EN EL PROMOTOR DEL GEN MMP-1 EN CANINOS

Fassa V.B.,¹ G. B. Pinto,^{1,3} A. O. Álvarez,² J. G. Waldhorn,² E. G. Maubecin,² A. Elisei,³ D. A. Pazos,⁴ A. Conte,¹ G. Marrube¹

¹ Área de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires.

gmarrube@fvet.uba.ar

² Hospital Escuela "Dr. Ernesto Cánepa". Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires.

³ Instituto de Virología CICVyA INTA Castelar.

⁴ Área de Bases Agrícolas, Facultad de Ciencias Veterinarias Universidad de Buenos Aires.

La displasia de cadera es un carácter ortopédico hereditario que resulta en una osteoartritis secundaria. Varios factores están involucrados en la degradación del cartílago articular, entre ellos la enzima Metaloproteinasa de la Matriz 1 (MMP-1) que cliva la triple hélice del colágeno permitiendo que otras metaloproteinasas de la matriz realicen la degradación proteolítica del mismo. Los niveles de expresión de MMP-1 se ven aumentados durante los procesos osteoartroticos. La región promotora del gen MMP-1 contiene varios elementos de respuestas a citoquinas (AP-1, PEA3, SAF-1). El presente trabajo describe el análisis de la secuencia nucleotídica en la región promotora del gen MMP-1 canino en

muestras de ADN de perros de diferentes razas, libres y afectados en diferentes grados de displasia de cadera, analizados por placas radiográficas (Galgo, Boxer, Labrador Retriever, Golden Retriever, Rottweiler, Ovejero Alemán, Kuvacs, Dogo de Burdeos, Bloodhound). Se amplificó por PCR la secuencia genómica del promotor y se procedió a su secuenciación. Se analizaron 14 secuencias que fueron alineadas con la secuencia del GenBank DQ154259, detectándose tres polimorfismos: in/del (G) en la posición 146, in/del (TCTGCCC) en la posición 197 (en el elemento de respuesta a SAF-1) y una sustitución (G/T) en la posición 491 (correspondiente al último elemento de respuesta AP-1). Se han detectado diferentes mutaciones en la región promotora del gen MMP-1 en las muestras analizadas que permitirán realizar un estudio de asociación para establecer si las mismas se encuentran relacionadas a los procesos de osteoartritis secundaria en perros afectados por displasia de cadera.

GMA 7

LA LÍNEA DE RATÓN CBI/L COMO MODELO PARA EL ESTUDIO DEL FENÓMENO DE INMUNOEDICIÓN TUMORAL

Cáceres J. M.,¹ M. F. Zacarías Fluck,¹ M. J. Rico,¹ O. G. Scharovsky,^{1,2} R. J. Di Masso,^{1,2} V. R. Rozados¹

¹ Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario. viviana.rozados@gmail.com

² CIC-UNR.

El gran desafío de la biología actual es modelar, simular y predecir el comportamiento de sistemas biológicos complejos. La perturbación de estos sistemas mediante cambios genéticos permite obtener información acerca de la estructura y función de las redes genéticas que operan a nivel de procesos particulares. Se ha propuesto que la inmunoección tumoral es el resultado de tres procesos: eliminación, equilibrio y escape. CBI/L-IGE FS es una línea de ratones derivada por apareamiento hermano por hermana

(F teórico=1) a partir de una línea seleccionada por conformación corporal. El adenocarcinoma de mama M-406 surgió espontáneamente en la línea CBI-IGE de la cual deriva CBI/L y se mantiene *in vivo* por injertos intraperitoneales en su huésped singéico. Cuando se inocula en la línea de origen muestra 100% de letalidad y 0% de regresión mientras que en ratones de la línea CBI-FS, derivada también de CBI, muestra 100% de toma y 100% de regresión. El comportamiento homogéneo, en uno u otro sentido, de ambas poblaciones frente al desafío tumoral es coherente con su condición de líneas con máxima endogamia. Cuando el tumor se inocula en CBI/L FS hay 100% de toma con regresión variable tanto en machos como en hembras indicando que algunos tumores escapan del equilibrio huésped-tumor tornándose letales y otros regresan (eliminación). El objetivo de este trabajo es presentar el sistema complejo ratón CBI/L-IGE FS / tumor M-406 como modelo para el estudio del fenómeno de inmunoección tumoral y discutir su adecuación para la caracterización del mismo.

GMA 8

EVALUACIÓN MEDIANTE SIMULACIÓN DE ESTRATEGIAS DE SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES EN BOVINOS PARA CARNE

Macor L., P. M. Corva, G. Monterubbianesi

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata. maclau22@hotmail.com

La selección asistida por marcadores (SAM) se presenta como una herramienta de gran potencial para el mejoramiento genético. Sin embargo, todavía hay poco conocimiento sobre su integración a las estrategias vigentes de selección y sobre todo, sobre su utilización e interpretación por parte del criador individual. Uno de los factores que dificulta la interpretación es la forma en que los laboratorios presentan los resultados de los reproductores, ya que un mismo genotipo es codificado en diferentes formas. Con la finalidad de evaluar distintas estrategias de SAM,

se simuló un plantel genérico de bovinos para carne, con 500 hembras y 15 machos. Como control se realizó la selección para Peso al destete (PD) y peso al nacer (PN), mediante niveles independientes de rechazo. Se practicó también la selección por estas mismas variables, pero incluyendo la información de un panel de tres marcadores moleculares que afectan una variable hipotética de calidad de carne (CC). A cada marcador bialélico se le asignó un efecto de sustitución y frecuencias tomando como referencia resultados de marcadores reales para terneza. El resultado de este panel se expresó alternativamente como número de alelos favorables, puntaje (escala 1-10) y valor génico molecular para cada animal. Cada estrategia de selección se simuló para un período de 19 años. De cada estrategia se hicieron tres repeticiones. Los distintos sistemas de expresión de genotipos contribuyeron significativamente a la mejora de CC y tuvieron una eficiencia semejante, aunque con una disminución de la respuesta en la selección para PD.

GMA 9

FRECUENCIAS GÉNICAS PARA UN GEN QUE CODIFICA TIROGLOBULINA Y SU RELACIÓN CON CRECIMIENTO Y COMPOSICIÓN CORPORAL EN POBLACIONES COMERCIALES DE BOVINOS PARA CARNE

Melucci L. M.,¹ M. V. Ripoli,² A. M. Piazza,³ C. A. Mezzadra,¹ J. Papaleo Mazzucco,¹ E. Villarreal,¹ A. Rogberg Muñoz,² E. E. Villegas Castagnasso,² E. I. Francisco,² G. Giovambattista²

¹ Unidad Integrada Balcarce (Fac. Cs. Agrarias UNMDP-EEA (INTA) Balcarce).

lmelucci@balcarce.inta.gov.ar

² IGEVET (CCT La Plata CONICET - UNLP).

³ Fac. Agronomía UNCPBA.

Las hormonas tiroideas (T3 y T4) actúan en la regulación metabólica y afectan el metabolismo graso. La tiroglobulina (TG) es el precursor de T3 y T4 en la Tiroides. TG explicaría diferencias en el depósito de grasa donde el alelo 3 se asociaría a mayor contenido de grasa intramuscular. En el mis-

mo BTA14 se han encontrado además otros QTLs asociados a diferentes caracteres de crecimiento. Los objetivos del trabajo fueron: 1- determinar las frecuencias génicas para TG y 2- relacionar su efecto sobre caracteres de crecimiento y composición corporal en una muestra de 59 toros Angus (A), 35 Hereford (H) y 20 Criollos (C) evaluados en las Pruebas de Comportamiento de toros a campo llevadas a cabo en la UIB entre 2006 y 2009. Los caracteres de crecimiento y composición corporal fueron estandarizados a normal (0,1) dentro de grupo contemporáneo (prueba y raza). Los genotipos fueron determinados a nivel de ADN mediante PCR-RFLP. Las frecuencias de los alelos 2 y 3 fueron: 0,63 y 0,37 para A; 0,75 y 0,25 para C y 0,77 y 0,23 para H, respectivamente. El efecto de los genotipos sobre los caracteres de crecimiento y composición corporal se analizó mediante un modelo que incluyó como efectos ciclo de prueba, raza y genotipo para TG y la covariable edad del animal. TG no afectó significativamente ($P > 0,05$) ninguno de los caracteres analizados. Probablemente el bajo número de observaciones como así también el sistema de alimentación exclusivamente pastoril contribuyeron a estos resultados.

GMA 10

VARIABILIDAD GENÉTICA EN UN HATO DE CAPRINOS CRIOLLOS NEUQUINOS (*CAPRA HIRCUS*) DEL SUR ARGENTINO

Caffaro M. E.,¹ M. R. Lanari,² M. J. Pérez Centeno,² A. Vázquez,³ M. A. Poli¹

¹ Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA-INTA, Castelar, cc 25, 1712-Castelar, Argentina.

Tel. 54-011-44500805. mcaffaro@cnia.inta.gov.ar

² INTA EEA- Bariloche.

³ Mrio Des. Territorial, Pcia de Neuquén.

La Cabra Criolla Neuquina (CCN) representa un importante recurso genético local en la zona norte de la provincia de Neuquén. Existen dos ecotipos definidos, las CCN Peladas o de pelo corto y las CCN Chilludas de pelo largo. Los marcadores moleculares tipo microsátélites son útiles para el

estudio de relaciones genéticas dentro y entre razas. En el locus α_{s1} -caseína se describieron 18 variantes alélicas, agrupadas en 4 niveles de expresiones (fuertes, intermedias, débiles y nulas) parcialmente responsables del contenido de caseína en leche. El objetivo del presente estudio fue: describir la variabilidad genética existente en un grupo de CCN con un panel de marcadores moleculares y el gen α_{s1} -caseína. Se estudiaron 18 microsatélites y el gen α_{s1} -caseína en 51 CCN pelo corto y 54 CCN pelo largo. Los microsatélites se amplificaron por PCR, para determinar las variantes alélicas del gen α_{s1} -caseína se utilizaron PCR-RFLP y PCR-AS. El análisis de los datos se realizó con el programa Cervus (versión 2.0). De los 18 microsatélites estudiados solo dos presentaron un PIC (Contenido de Información Polimórfica) inferior a 0,4, las frecuencias alélicas encontradas fueron similares en los dos ecotipos. En el gen de la α_{s1} -caseína la mayor frecuencia se reportó para los alelos fuertes en los dos ecotipos, los débiles estuvieron ausentes en las CCN pelo corto y en muy baja frecuencia en las CCN pelo largo. La variabilidad genética encontrada dentro de la muestra y la alta frecuencia de alelos fuertes de α_{s1} -caseína, demostrarían la importancia de esta raza local como fuente de biodiversidad.

GMA 11

VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE LA COMPOSICIÓN LIPÍDICA DE LA CARNE DE NOVILLOS BRANGUS

Baeza M. C.,¹ P. Corva,¹ E. Pavan,² L. Soria,³ E. Villarreal,² A. Schor,⁴ L. Melucci,¹ C. Mezzadra,² M. Miquel³

¹ Facultad de Cs. Agrarias UNMDP.

cecini@hotmail.com

² INTA EEA Balcarce.

³ Facultad de Veterinaria UBA.

⁴ Facultad de Agronomía UBA.

El estudio de la composición bioquímica de la carne resulta de especial interés en la evaluación del valor nutricional y la calidad de la misma. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la variabilidad fenotípica de la

composición de ácidos grasos (AG) de la carne de novillos Brangus. Se utilizaron 126 novillos, hijos de 10 padres identificados, criados en un sistema de pastoreo en condiciones representativas de la región pampeana argentina. Los animales fueron faenados con un espesor de grasa dorsal uniforme. Se obtuvo el perfil de ácidos grasos por cromatografía de gases a partir de una muestra del músculo *L. dorsi* (11^a a 13^a costillas), tomada 24 h después de la faena. Los valores de los distintos AG se procesaron mediante un análisis de componentes principales. La CP1 y la CP2 explicaron el 58% de la variabilidad total. La CP1 estuvo explicada principalmente por el contenido de AG poli-insaturados de cadena larga y cantidad total de lípidos, correlacionando negativamente estas dos variables entre sí. La CP2 fue explicada principalmente por el contenido en ácido esteárico en un cuadrante y por los ácidos palmitoleico y oleico en el otro, lo que podría ser un indicador de variación en la actividad de la Δ^9 -desaturasa. CP1 y CP2 agruparon a las variables medidas en cinco *clusters* principales definidos por las rutas metabólicas a las que estarían asociadas. Este análisis permite establecer relaciones entre ácidos grasos de la carne y sugerir vías metabólicas más relevantes, como por ejemplo las desaturasas, para su posterior análisis genético.

GMA 12

EFFECTO DEL GENOTIPO EN LA RESPUESTA A UNA DOSIS CRECIENTE DE *TRICHINELLA SPIRALIS* (TS), EN RATONES CBI/IGE

Vasconi M. D.,¹ G. Bertorini,¹ G. Bucalossi,² M. F. Londra,² R. J. Di Masso,^{2,3} L. I. Hinrichsen^{2,3}

¹ Cátedra de Parasitología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas.

² Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas.

³ CIC-UNR; Universidad Nacional de Rosario.

lhinrich@unr.edu.ar

El desarrollo de nuevos modelos animales que permitan disecar la interrelación hospedero-parásito es importante en la triquinelosis, pues no existe tratamiento oportuno que

la limite. El efecto del genotipo en la respuesta al desafío con dosis crecientes de *Ts*, durante la primoinfección, se estudió en dos líneas de ratones del modelo murino desarrollado en el Instituto de Genética Experimental. Se utilizaron machos adultos, de las líneas CBi+ y CBi/C, que se infectaron por vía oral con larvas infectantes L1 de *Ts*. Se dividieron en grupos de 5-9 ratones, a los que se desafió con 1, 2 ó 4 larvas por g de peso corporal. En el período crónico (42 ± 2 días post-infección) se determinó la carga parasitaria en lengua, expresada como número de parásitos por unidad de peso (CPr, n°/g); se midió, también, el nivel sérico de lactatodeshidrogenasa como estimador del daño muscular. El efecto de dosis dentro de genotipo y de genotipo dentro de dosis se evaluó con un ANOVA paramétrico. La carga parasitaria aumentó al aumentar la dosis infectante, aunque la magnitud del incremento fue distinta para cada genotipo ($P < 0.05$); el genotipo CBi/C fue “resistente”. No hubo asociación entre la CPr y el nivel de lactatodeshidrogenasa, que no difirió de los valores de ratones normales. Estos resultados sugieren que el análisis de este modelo animal será útil para dilucidar los mecanismos que regulan la relación compleja y dinámica entre parásito y hospedero, conocimiento fundamental para implementar el control de las enfermedades parasitarias basado en la resistencia genética del hospedero.

GMA 13

CARACTERIZACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA PRESENTE EN GENES CANDIDATOS PARA RECEPTORES FIMBRIALES DE *ESCHERICHIA COLI* F4 Y F18 EN CERDOS (*SUS SCROFA DOMESTICA* L.)

Barone N. B., R. Franco, J. Brunori, G. Cottura, L. S. Vanzetti

Laboratorio de Biotecnología, Grupo Porcino EEA INTA Marcos Juárez, Pcia. de Córdoba.
noebarone@yahoo.com.ar

Receptores fimbriales permiten que las cepas F4 y F18 de *Escherichia coli* se adhieran a los enterocitos de lechones en edad de

lactancia y pos-destete provocando diarrea, principal causa de muerte en este grupo etario y motivo de importantes pérdidas económicas para el sector productivo. Recientemente se han detectado genes candidatos para dichos receptores fimbriales los cuales tienen una estrecha relación con la resistencia/susceptibilidad de los cerdos a infecciones por *Escherichia coli*. En este trabajo se determinó mediante marcadores moleculares tipo PCR-RFLP la variabilidad genética en los genes candidatos Mucina 4 (MUC4) y Fucosiltransferasa 1 (FUT1), en 107 reproductores comerciales provenientes de diferentes empresas genéticas. Para el marcador MUC4 se observó que 79,4% de los individuos fueron homocigotas-(AA), 20,6% fueron heterocigotas-(AG), ambos genotipos asociados a la susceptibilidad frente a cepas F4 *E. coli* y ningún individuo se mostró homocigota-(GG), genotipo asociado con resistencia a F4. En el caso de FUT1 33,6% fueron homocigotas-(GG) y 62,6% heterocigotas-(GA), ambos genotipos asociados a la susceptibilidad frente a cepas F18 de *E. coli*, solamente 3,8% de los animales se presentaron como homocigotas-(AA), genotipo asociado a la resistencia a F18. Para ambos genes se hallaron frecuencias muy bajas de genotipos resistentes y pone en evidencia la falta de presión de selección con el objetivo de mejorar la resistencia genética a colibacilosis, en este sentido los marcadores moleculares se presentan como una rápida y efectiva herramienta para auxiliar a dichos programas de mejoramiento.

GMA 14

RELACIÓN ENTRE MARCADORES DE TERNEZA Y POTENCIAL DE CRECIMIENTO EN BOVINOS PARA CARNE

Corva P. M.,¹ L. A. Soria²

¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata.

² Facultad de Veterinaria, Universidad de Buenos Aires. pcorva@balcarce.inta.gov.ar

Existen marcadores genéticos moleculares que permiten la selección para una ma-

yor ternera de la carne bovina. Sin embargo, la Selección Asistida no escapa a los principios básicos del mejoramiento animal, por lo que antes de su implementación deben tenerse en cuenta potenciales respuestas correlacionadas en otras variables relevantes. En este trabajo se evaluó la relación entre los genotipos para marcadores de ternera y el potencial de crecimiento. Partiendo de la información de 268 toros Angus con genotipos para los SNP 316 y 4751 de CAPN1 (i-calpaína) y un SNP en CAST (Calpastatina) se regeneró la genealogía de estos toros utilizando información de los Registros Genealógicos de la Sociedad Rural Argentina. Se asignó la probabilidad del respectivo genotipo a toros sin información de marcadores a través de un análisis de segregación de alelos. Se realizó el análisis de regresión entre las DEP (Diferencias Esperadas en la Progenie) del Resumen de Padres Angus 2008 y el número de copias de cada alelo favorable en 361 toros. El SNP 316 tuvo un efecto altamente significativo en las DEP de Peso al Nacer, Peso al Destete y Peso Final, pero no de Alzada o Área del Ojo del Bife. El SNP 4751 tuvo un efecto significativo en la DEP de Área del Ojo del Bife. Los toros con un genotipo favorable para ternera en CAPN1 tendrían un menor potencial de crecimiento, lo que podría atribuirse a un rol del gen en la fisiología del crecimiento o a otros genes en desequilibrio de ligamiento en BTA29.

GMA 15

MARCADORES EN EL GEN DE CALPAÍNA: CARACTERIZACIÓN EN BOVINOS HEREFORD, BRAHMAN Y BRAFORD

Iglesias P. P.,¹ M. E. Caffaro,² A. F. Amadio,³ A. Arias Mañoti,⁴ M. A. Poli²

¹ Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNaM. patricia.p.iglesias@gmail.com

² Instituto de Genética, "Ewald A. Favret", CICVyA-INTA, Castelar.

³ CONICET, EEA - INTA Rafaela.

⁴ EEA - INTA Corrientes.

El gen CAPN1 codifica una proteasa (μ -calpaína) que actúa en la degradación post-

mortem de proteínas miofibrilares y esta asociada a variaciones en la ternera de la carne bovina. Los alelos CAPN316 C; CAPN530 G y CAPN4751 C se asocian a una mejora en la ternera. El objetivo del presente trabajo fue describir las frecuencias alélicas de los marcadores CAPN316 (C/G), CAPN530 (A/G), CAPN4751 (C/T) en 232 bovinos de raza Hereford, 91 Brahman y 197 Braford pertenecientes a la EEA Corrientes del INTA. Se utilizó ADN extraído de bulbo piloso, para la genotipificación se diseñó un sistema PCR-RFLP para CAPN316, CAPN530 y una PCR TETRA-ARMS para CAPN4751. Para CAPN316 se encontró una predominancia del alelo G en las tres razas, estando prácticamente fijado en Hereford (99%). Para Brahman y Braford se observó un 90% y 78% del alelo G, respectivamente. El marcador CAPN530 A también presentó alta frecuencia en las tres razas (86% en Hereford, 97,5% en Brahman y 95% en Braford). La distribución de los alelos de CAPN4751 demostraron tener la mayor variabilidad entre las razas, encontrándose el alelo C con mayor frecuencia en Hereford (70%), mientras que el alelo T fue el más frecuente en Brahman (92,5%); Braford mostró frecuencias intermedias para ambos alelos (45,5% C y 54,5% T). Solo los resultados del CAPN4751 coincidirían con la tendencia de que la carne de raza Hereford presenta la mayor ternera, la raza Braford intermedia y la Brahman sería la raza de menor ternera.

GMA 16

COMPONENTES PRINCIPALES COMO FENOTIPOS DE SISTEMAS BIOLÓGICOS COMPLEJOS. RELACIÓN MÚSCULO-HUESO EN EL RATÓN

Di Masso R. J.,^{1,2} P. S. Silva,¹ C. Pippa¹

¹ Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas. Universidad Nacional de Rosario.

² CIC-UNR. rjdimasso@ciudad.com.ar

El análisis multivariado de componentes principales clasifica la variación fenotípica en sistemas independientes de caracteres correlacionados. Se ha postulado que las com-

ponentes principales pueden utilizarse para identificar redes genéticas involucradas en la regulación de sistemas biológicos complejos dado que cada individuo de la población presenta valores de cada una de ellas que pueden asociarse con fenotipos susceptibles de analizarse genéticamente y utilizarse para identificar QTLs. La técnica se aplicó a cinco indicadores de la relación músculo-hueso (PESMUS: peso del músculo gastrocnemio, PESFEM y PESTIB: peso del fémur y de la tibia, y LONFEM y LONTIB: longitud del fémur y de la tibia) medidos a los 150 días de edad en machos (n=336) y hembras (n=319) de una población segregante (F2) proveniente del cruzamiento entre dos líneas de ratón seleccionadas por conformación corporal. Las tres primeras componentes principales explicaron aproximadamente la misma proporción de la variancia total (87%) en machos y en hembras. La primera explicó el 60% y se asoció negativamente con los cinco indicadores (componente tamaño). La segunda explicó el 15% de la variancia y se asoció con la longitud del hueso con poco efecto sobre el peso del hueso y el peso del músculo que en él se inserta. La tercera explicó el 12% de la variancia y se asoció con el peso del músculo, con escaso efecto sobre el peso del hueso y nulo sobre su longitud. Los resultados indican la coexistencia de fuentes independientes de variancia fenotípica en la caracterización de este sistema biológico complejo.

rizó mediante las técnicas multivariadas de componentes principales (PCA) y análisis discriminante (ADC). Se estimaron por regresión no lineal los parámetros peso corporal asintótico (ASIPES) y tasa de maduración para peso corporal (MADPES) en función de la edad, longitud asintótica de la caña (ASICAN) y tasa de maduración para longitud de la caña (MADCAN) en función de la edad y peso corporal asintótico (ASICOM) y tasa de maduración para peso corporal (MADCOM) en función de la longitud de la caña, en machos (n=40 por grupo) de dos híbridos simples (Casilda CP y Casilda CR), dos híbridos de tres vías (Casilda Don Manuel y Casilda Doña Teresa) y dos poblaciones derivadas de los cruzamientos recíprocos entre los híbridos simples (Caseros I y Caseros II). PCA permitió reconocer agrupaciones de individuos asociables a los grupos genéticos mencionados. La primera componente (PC1) explicó el 49,6% y la segunda (PC2) el 31,5% de la variancia. PC1 se asoció negativamente con ASIPES y positivamente con MADPES y MADCOM (Componente biomasa). PC2 se asoció negativamente con ASICAN y positivamente con MADCAN y ASICOM (Componente esqueleto). ADC confirmó la utilidad de los caracteres de crecimiento para diferenciar a las aves en función de su grupo genético [aves mal clasificadas: 11,3% (27/240)]. Los resultados confirman la existencia de fuentes de variancia fenotípica independientes para biomasa (PC1) y esqueleto (PC2) aún en poblaciones con menor velocidad de crecimiento que el parrillero industrial.

GMA 17

RELACIÓN BIOMASA-BASE ÓSEA DE SUSTENTACIÓN EN POBLACIONES EXPERIMENTALES DE POLLOS CAMPEROS

Dottavio A. M.,^{1,2} M. Álvarez,¹ J. E. Librera,¹ Z. E. Canet,^{1,3} R. J. Di Masso^{1,2}

¹ Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias. quyen78@hotmail.com

² CIC-UNR.

³ INTA Pergamino.

La relación biomasa a sustentar- base ósea de sustentación en seis poblaciones experimentales de pollos camperos se caracte-

GMA 18**VALIDACIÓN DE 22 MICROSATELITES PARA PRUEBA DE PATERNIDAD EN LLAMAS (*LLAMAS GLAMA*) DEL NOA ARGENTINO****Caffaro M. E.,¹ H. Lamas,² M. A. Poli¹**

¹ Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA-INTA, Castelar, cc 25, 1712-Castelar, Argentina. Tel. 54-011-44500805. mcaffaro@cnia.inta.gov.ar

² EEA-INTA- Abra Pampa, Jujuy.

La provincia de Jujuy cuenta con 67 % de la población nacional de llamas (109.412 animales). Los sistemas de producción son extensivos y los servicios están condicionados por el estímulo ambiental dado que los machos conviven con las hembras a lo largo del año. Como en todo programa de mejoramiento es requisito conocer las relaciones de parentesco entre los animales, para lo cual la confirmación de una filiación dudosa con tecnologías a nivel del ADN es la prueba de elección. El objetivo del presente trabajo fue validar un protocolo con

marcadores moleculares tipo microsatélites en *multiplex* para pruebas de paternidad en llamas. Se tomaron muestras de sangre de 32 animales, ordenados en grupos de 10 tríos (padre, madre e hijo) y 4 machos no emparentados, pertenecientes a un hato de la Estación Experimental de Altura (EEA) INTA-Abra Pampa, Jujuy. Se realizaron 3 *multiplex* de PCR utilizando en total 22 marcadores moleculares del tipo microsatélites, del panel propuesto por la ISAG 2008 para Camélidos. Los microsatélites se separaron por electroforesis capilar en secuenciador automático y la asignación de los alelos para cada uno se realizó con el programa *GenMapper*. Los resultados fueron analizados por medio del programa *Cervus*, versión 3.0 obteniendo las frecuencias alélicas, el contenido de información polimórfica (PIC) y la probabilidad de exclusión global (PEG). Con el panel de marcadores utilizado se consiguió una PEG de 99,99%. Se confirmaron 8 de las 10 madres probables y un solo padre de los 11 probables, teniendo éste animal tres hijos.

Comunicaciones libres: Genética molecular

GMOL 1

ESTUDIO COMPARATIVO ENTRE
MARCADORES ISSR Y SSR EN
POBLACIONES VEGETALES
NATURALIZADAS

Garayalde A. F.,^{1,2} M. M. Poverene,³ A. D. Carrera³

¹ CERZOS-CONICET. agarayalde@criba.edu.ar

² Departamento de Matemática UNS.

³ Departamento de Agronomía UNS.

Los marcadores moleculares estiman la diversidad y estructura genética en poblaciones naturales. Φ pt (análogo de Fst) estima la diferenciación entre poblaciones y puede ser calculado en el AMOVA a partir de marcadores dominantes y codominantes, conservando el supuesto de independencia entre loci al no codificar a los codominantes como dato binario. El objetivo fue evaluar la variabilidad detectada por marcadores ISSR y SSR y comparar la información obtenida. Se analizaron 10 plantas de 10 poblaciones naturalizadas en Argentina de *Helianthus annuus* (alógama y autoincompatible) y 6 líneas endocriadas mediante marcadores ISSR y SSR. Se calcularon medidas de diversidad, distancia binaria, Φ pt, AMOVA y correlación entre matrices (Mantel) con GenA-lex. A partir de 5 primers ISSR se amplificaron 64 loci, 55 polimórficos (86%). El porcentaje de loci polimórficos por primer varió entre 80-90%. Se analizaron 5 loci SSR, todos polimórficos, obteniéndose 29 alelos, 2-9 alelos por locus. La heterocigocidad esperada por primer/locus varió entre 0,335-0,422 para ISSRs y 0,247-0,855 para SSRs, con un promedio de 0,378 y 0,591 respectivamente. En el AMOVA, ambos tipos de marcadores detectaron aproximadamente 20% de variabilidad entre poblaciones ($P < 0.001$) mientras los SSRs mostraron un mayor porcentaje de diferenciación entre genotipos silvestres y cultivados (36% vs. 12%, $P < 0.001$). Se encontraron bajas correlaciones

entre ISSRs y SSRs tanto a nivel de individuo como de población. Aunque los primeros mostraron menor % de loci polimórficos, ambos tipos de marcadores resultan apropiados para el estudio de poblaciones naturales. Los ISSRs y SSRs muestran una baja correlación, siendo su información complementaria

GMOL 2

EVALUACION DE LA REACCION EN
CADENA DE LA POLIMERASA (PCR) COMO
METODO PARA DIFERENCIAR CEPAS DE
ELSINOE PATOGENAS DE CITRUS EN
ARGENTINA

Gochez A. M., M. A. Rybak, M. A. Rinsdahl-
Canavosio, B. I. Canteros

Laboratorio de Fitopatología de Citrus. INTA EEA
Bella Vista. Bella Vista, Corrientes.

agochez@correo.inta.gov.ar

La sarna de los citrus es una enfermedad causada por hongos del género *Elsinoe* (forma asexual: *Sphaceloma*). Las primeras observaciones mencionan que *E. fawcettii* Bitancourt-Jenkins (Ef) afecta diversos citrus y su presencia es mundial, mientras que *E. australis* Bitancourt-Jenkins (Ea) produce síntomas en naranja dulce y esta restringido a Sudamérica. Sin embargo, debido a las restricciones cuarentenarias, recientemente se han hecho estudios en Corea y Australia con cepas de todo el mundo donde esta diferenciación no resulta tan clara. En Argentina se desconoce si las cepas presentes realmente corresponden a Ef o Ea. El objetivo del trabajo fue evaluar la especificidad de primers (iniciadores de la PCR), diseñados para diferenciar cepas de *Elsinoe*, en cepas aisladas de síntomas de sarna de citrus en Argentina. Se utilizaron 12 cepas aisladas de síntomas en hojas y frutos procedentes de quintas cítricas de Corrientes, Misiones y Tucumán. Se realizó extracción de ADN genómi-

co desde micelio utilizando kits comerciales y se usaron primers Efav-2 y Eaut-5 desarrollados para Ea y Ef que amplifican ADN ribosomal (ITS). Los productos amplificados mostraron variabilidad genética de las muestras. Una cepa aislada de fruta de naranja Valencia de Bella Vista (Corrientes) amplificó con ambos primers. Cepas procedentes de Famaillá (Tucumán) y de Apóstoles (Misiones) mostraron resultados no consistentes y deben repetirse y evaluar otros primers. Los resultados indican que la exacta determinación de las especies presentes en el país requiere estudios integrales con varios métodos, además de los moleculares y una evaluación más amplia de primers para diferenciación.

GMOL 3

UTILIZACIÓN DE MARCADORES MICROSATÉLITES PARA EL ESTUDIO DE LA BIODIVERSIDAD GENÉTICA DE *ASTYANAX ABRAMIS* (JENYNS, 1842), DEL ARROYO YABOTI, MISIONES

Ojeda A. P.,¹ L. M. Hirt,¹ P. D. Zapata²

¹ Laboratorio de Biología General.

paolinojeda@hotmail.com

² Laboratorio de Biotecnología Molecular. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones.

En Misiones, la Reserva de Biosfera Yabotí se localiza en el centro-este y cubre un amplio sector de las subcuencas de los arroyos Yabotí, tributarios del Alto Uruguay. *Astyanax* es un importante eslabón en la cadena trófica y en el mantenimiento de las comunidades ícticas naturales, siendo alimento de los últimos eslabones. El análisis de su biodiversidad es un importante dato ecológico que apoya el manejo sustentable del recurso. Los microsatélites son una herramienta adecuada para estudios poblacionales, taxonómicos y filogenéticos. Existen antecedentes que describen el uso transespecífico de marcadores microsatélites entre grupos taxonómicos relacionados a distintos niveles. Estudios anteriores indican la identificación de seis microsatélites para *Astyanax*

fasciatus, que fueron utilizados por nuestro grupo para la búsqueda de microsatélites en *Astyanax saguazu*. El objetivo de este trabajo fue lograr la amplificación de regiones de microsatélites en *Astyanax abramis* en ejemplares del arroyo Yaboti que sirvan de base para estudios poblacionales. Fueron capturados 11 ejemplares en el arroyo Yaboti Guazú. Las muestras se fijaron en alcohol al 95 % y se extrajo ADN a partir de tejido de pedúnculo caudal utilizando diferentes metodologías. El ADN se evaluó y cuantificó por espectrofotometría y electroforesis, obteniéndose buena cantidad y calidad para la PCR. Se estandarizaron las condiciones de PCR para amplificar 2 regiones microsatélites en *A. abramis*. Se verificó la presencia de fragmentos de 150 pb y de 250 pb para los cebadores Ast 2 y Ast 4 respectivamente, coincidiendo con los descriptos anteriormente para *A. fasciatus*. Los fragmentos amplificados mostraron bajo polimorfismo.

GMOL 4

DETERMINACION DE LA ACTIVIDAD ENDO-Â-1,4-GLUCANASA DE *TRAMETES VILLOSA* Y *GANODERMA APPLANTUM* EN SUSTRATO LIGNOCELULOLITICO

Giorgio E. M., L. L. Villalba, P. D. Zapata

Laboratorio de Biotecnología Molecular. Módulo de Bioquímica y Farmacia. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales - UNaM. Posadas, Argentina. martingiorgio21@yahoo.com.ar

La lignocelulosa es el componente estructural de los vegetales y representan una fuente de materia orgánica renovable. Cantidades de residuos lignocelulolíticos son generados a través de prácticas forestales y agrícolas, presentando un problema de contaminación ambiental. Esta cantidad de biomasa residual considerada como "desecho" puede convertirse en diferentes productos de valor. El objetivo de este trabajo fue determinar la capacidad hidrolítica de *Ganoderma applanatum* cepa F y *Trametes villosa* sobre sustrato lignocelulolítico. Los hongos fueron crecidos e incubados en Erlenmeyer de 250 ml conteniendo 25,5 g de aserrín de *Pinus*

taeda, con 60% de humedad, a 29°C durante 32 días en condiciones estáticas. Las enzimas fueron extraídas con buffer acetato de sodio (50 mM) pH 5.5 suplementado con Tween 20 (0,1 g/L). La actividad endo- β -1,4-glucanasa y la cantidad de azúcares reductores fueron determinadas por el método del ácido dinitrosalicílico. La reacción se realizó con 0,45 ml de carboximetilcelulosa al 0,5% preparada en buffer citrato de sodio (0,05 M) pH 5,0 y 0,05 ml de la enzima, incubándose a 50°C por 60 min. La actividad endoglucanasa de *T. villosa* cuantificada a los 32 días de incubación fue la misma que para *G. applanatum*, 0,98 U/ml. Sin embargo, la cantidad de azúcares reductores presente en el extracto enzimático, mostró diferencias significativas. *G. applanatum* produjo $1,93 \pm 0,039$ mg/ml, mientras que *T. villosa* produjo $0,55 \pm 0,10$ mg/ml. Esto estaría indicando que, los azúcares recuperados del extracto de *G. applanatum* podrían ser utilizados en distintos procesos biotecnológicos.

GMOL 5

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN DE EQUINOS AFECTADOS DE OSTEOCONDROSIS

Galinelli N. C.,² M. E. Kienast,¹ M. F. Landoni²

¹ IGEVET. mkienast@fcv.unlp.edu.ar.

² Cátedra de Farmacología General, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.

La osteocondrosis (OC) es una alteración del crecimiento óseo que afecta a varias especies animales entre ellas a los equinos. El término OC hace referencia a un disturbio en la osificación endocondral de etiología multifactorial, con alto componente genético. El método diagnóstico más comúnmente utilizado es el radiológico, con la desventaja que el diagnóstico solo es posible una vez establecida la lesión. Esto imposibilita un manejo preventivo adecuado. La caracterización de un perfil genético para OC permitiría la identificación temprana y por ende la aplicación de medidas preventivas. El objetivo de este trabajo fue caracterizar desde el

punto de vista genético una población de equinos con OC diagnosticada radiológicamente, diferenciándola de una población de equinos libres de la enfermedad. De cada animal se extrajo una muestra de pelo a efectos de determinar el perfil genético. De las muestras obtenidas se extrajo el ADN a través de incubación con OHNa y posterior neutralización con Tris-HCl. El material obtenido fue amplificado por PCR utilizando el set de primers recomendados para identificación en equinos por la Sociedad Internacional de Genética Animal. La determinación de los diferentes alelos fue por genotipificación automática (MegaBase 1000 DNA sequencer / MegaBase fragment profiler, version 1.2, GE Healthcare). Por el análisis de los datos fue posible establecer en algunos sistemas diferencias entre el grupo de individuos afectados y no afectados por la enfermedad. Dado que la OC produce grandes pérdidas económicas a nivel mundial el desarrollo de un método de diagnóstico temprano como el análisis del perfil genético asociado o no a la OC, brindaría herramientas para el manejo diferencial de los animales con tendencia a padecer la enfermedad.

GMOL 6

CARACTERIZACIÓN DE AISLAMIENTOS DE *FUSARIUM POAE* (PECK) WOLLENW. MEDIANTE EL USO DE MARCADORES MOLECULARES

Dinolfo M. I.,¹ S. A. Stenglein,^{1,2} M. V. Moreno,^{1,2}

G. L. Salerno^{2,3}

¹ Laboratorio de Biología Funcional y Biotecnología (BIOLAB)-CEBB. Facultad de Agronomía de Azul. UNCPBA. Azul, Buenos Aires.

² CONICET. stenglein@faa.unicen.edu.ar

³ Fundación para Investigaciones Biológicas Aplicadas (FIBA)-CEBB. Mar del Plata, Buenos Aires.

La enfermedad conocida como fusariosis de la espiga ocurre en todas las regiones cereales del mundo, causando serios daños económicos, ya sea por la pérdida del rendimiento o deterioro de la calidad de sus granos. La fusariosis puede ser causada por un complejo de hongos del género *Fusarium*,

pero *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae* y *F. avenaceum* son las predominantes en todo el mundo. *F. poae* es conocido no solamente como patógeno sino también por la capacidad de producir una reconocida variabilidad de toxinas nocivas para la salud. Un total de 97 aislamientos procedentes de la Argentina e Inglaterra, aislados de diversos hospedantes fueron analizados mediante la técnica de fragmentos ubicados entre secuencias repetitivas simples (ISSR). Con los patrones de amplificación se realizó un análisis de agrupamiento y un análisis molecular de la varianza. La similitud entre los genotipos se cuantificó aplicando tres coeficientes de asociación, seleccionándose el índice de Jaccard por mostrar el menor grado de distorsión. El análisis del fenograma permitió diferenciar 90 haplotipos entre los 97 aislamientos de *F. poae* estudiados, sin mostrar un agrupamiento definido a su origen y/o a su hospedante. Los resultados del AMOVA arrojaron un 17,45% de diferencias entre grupos y un 82,55% dentro de grupos (Φ_{ST} 0,174; $P < 0,001$). El análisis conjunto de los datos obtenidos demuestra que aún cuando *F. poae* carece de un ciclo sexual conocido, es evidente que dispone de mecanismos que generan una alta variabilidad.

GMOL 7

CUANTIFICACIÓN DE LA ACTIVIDAD ENZIMÁTICA Y AMPLIFICACIÓN DE FRAGMENTOS GENICOS DE LACASA Y MANGANESO PEROXIDASA EN *PENIOPHORA SP.*

Fonseca M. I.,¹ M. R. Tejerina,¹ A. B. Ramos,¹ N. I. Sanabria,¹ J. I. Fariña,² L. L. Villalba,¹ P. D. Zapata¹

¹ Laboratorio de Biotecnología Molecular. FCEQyN - UNaM.

² Departamento de Biotecnología Fúngica. PROIMI-CONICET. bcmb@fceqyn.unam.edu.ar

Los hongos de pudrición blanca presentan un amplio espectro de enzimas como lacasa (Lac) y mangenoso peroxidasas (MnP), con aprovechamiento biotecnológico en procesos como el biopulpaado, bioblanqueo y biorre-

mediación. El objetivo del trabajo fue cuantificar esta actividad enzimática y obtener un fragmento de los genes de *lac* y *mnp* del hongo de pudrición blanca *Peniophora sp.* Para ello *Peniophora sp* fue cultivado en medio líquido (extracto de malta 12,7 g/L-extracto soluble de maíz 5 g/L pH 3,5) por 7, 10 y 14 días a 25°C en condiciones estáticas. La actividad enzimática lacasa se determinó por espectrofotometría a 459 nm usando como sustrato 2,6-dimetoxifenol 5 mM en buffer acetato de sodio 0,1M (pH 3,6) y la MnP a 610 nm usando rojo fenol 0,1 M en buffer succinato 0,1M (pH 4,5). El análisis estadístico fue realizado mediante el programa GraphPad Prism 4. Para la amplificación por PCR se extrajo DNA de micelio. No se observó diferencias significativas ($P > 0,05$) en la actividad enzimática entre los distintos días. La actividad lacasa fue de 60 U/L y la de MnP de 45 U/L. Por otro lado se obtuvieron amplicones de 200 y 300 pb para la Lac y MnP respectivamente que fueron secuenciados. El análisis bioinformático mediante megablast mostró una identidad de 83% para *lac* y de 96% para *mnp* con otros hongos de pudrición blanca. Las secuencias génicas son fundamentales para analizar la regulación a nivel genético de éstas enzimas y evaluar posibles inductores para incrementar la producción.

GMOL 8

IDENTIFICACIÓN DEL GEN DE LA VITELOGENINA EN EL VECTOR DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS *TRITOMA INFESTANS* (HEMIPTERA: REDUVIIDAE)

Blariza M. J., N. W. Soria, C. Carriazo, B. A. García
Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba. mariablariza@yahoo.com.ar

Triatoma infestans es el principal vector de la enfermedad de Chagas en América del Sur. Debido a la reciente detección de poblaciones de *T. infestans* resistentes a insecticidas, resulta de interés iniciar en esta especie el estudio de genes vinculados a la reproducción como el que codifica para la vitelogeni-

na (Vg) a efectos de aportar bases que podrían orientar en el futuro el desarrollo de nuevas estrategias de control. Con este propósito, se amplificó y secuenció un fragmento de ADN copia (ADNc) correspondiente al extremo 3' del gen de la Vg empleando primers diseñados a partir de una región conservada de ese gen y la técnica de RACE PCR. Posteriores amplificaciones, clonación y secuenciación de fragmentos de ADNc del gen permitieron detectar dos isoformas, Vg-A y Vg-B. Se obtuvo un segmento de 861 pares de bases (pb) de la isoforma Vg-A que incluye el codón stop, 797 pb codificantes y 64 pb no codificantes. De la isoforma Vg-B se obtuvieron 829 pb de ADN codificante. Un total de 633 posiciones nucleotídicas fueron examinadas para estas dos isoformas. En esta región el 67,61% de las bases fueron idénticas, mientras que el 32,39% restante corresponde a 205 sitios variables. Por otra parte, el análisis comparativo de las secuencias de aminoácidos deducidos a partir de las secuencias nucleotídicas de ADNc reveló un porcentaje de aminoácidos idénticos del 56% con una homología del 72% entre ambas isoformas. Este estudio constituye el primer análisis del gen de la Vg en el insecto vector *T. infestans*.

GMOL 9

AUTOREGULACION TRANSCRIPCIONAL DEL SISTEMA REGULADOR RCSC/RCSB/RCSB EN *SALMONELLA TYPHIMURIUM*

Pescaretti M. M., R. D. Morero, M. A. Delgado

Departamento Bioquímica de la Nutrición, INSIBIO/ Instituto de Química Biológica (CONICET-UNT) S. M. de Tucumán. mpescaretti@fbqf.unt.edu.ar

El sistema Rcs controla una gran variedad de funciones celulares incluyendo entre otras la síntesis del ácido colánico (operón *cps*) y la del flagelo (operón *flhDC*). Este sistema consiste de tres proteínas: el sensor RcsC, el regulador de la respuesta RcsB y la proteína RcsD, intermediaria en la transferencia del grupo fosfato desde RcsC a RcsB. A pesar de que se han descrito numerosas condiciones que activan el sistema, aún per-

manece desconocida la señal fisiológica que conduce a dicha activación. Resultados previos del laboratorio demostraron que en *S. typhimurium* el sistema Rcs puede ser activado por sobre-producción del regulador RcsB en su estado fosforilado únicamente por la vía RcsC@RcsD, RcsC o RcsD. En este trabajo se estudió el efecto de la sobreexpresión de RcsB sobre la expresión de los genes del sistema. Nuestros resultados demostraron que altas concentraciones del regulador reprime fuertemente la expresión de *rscD* y posee un leve efecto sobre la expresión de su propio gen, aún cuando se ha descrito que ambos genes forman un operón. No se observó ningún efecto sobre la expresión de *rscC*. Demostramos además, que la expresión diferencial de *rscD* y *rscB* se debe a que *rscB* es transcrito bajo el control de dos promotores: i) el promotor del operón denominado P_{rscDB} , previamente reportado; y ii) un nuevo promotor localizado en la región 3'-terminal de *rscD*, caracterizado en este trabajo y al cual denominamos P_{rscB} . Estos resultados sugieren que existe autorregulación negativa del sistema Rcs mediada por altas concentraciones del regulador RcsB.

GMOL 10

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE UN NUEVO MORFOTIPO DE *MELANOIDES TUBERCULATUS* (MOLLUSCA: GASTROPODA) DEL ALTO PARANÁ

Sede M. M.,¹ R. E. Vogler,² J. G. Peso,³ C. F. Argüelles¹

¹ Laboratorio de Genética Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones.

² División Zoología Invertebrados, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.

³ Laboratorio de Zoobentos, Anexo Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones.

genemol@fceqyn.unam.edu.ar.

El gasterópodo partenogenético *Melanoides tuberculatus* (Müller, 1774), presente en aguas tropicales del Viejo Mundo, ha invadi-

do numerosos cuerpos de agua dulce del Continente Americano desde 1950, convirtiéndose en una amenaza para la diversidad de la malacofauna local. El informe de su aparición en 1999 en aguas del río Paraná, particularmente entre Paraguay y Argentina, amplió la distribución sudoccidental conocida para el Nuevo Mundo. En el presente estudio se procedió a evaluar filogenéticamente el origen de una población recientemente descubierta, sobre la margen paraguaya del área de influencia del embalse Yacyretá, a través de la identidad de secuencia de fragmentos de 300 pb amplificadas a partir de genes ribosomales mitocondriales 12S ARN y 16S ARN. Para efectuar la reconstrucción filogenética y evaluar la pertenencia al clado asiático o africano, se obtuvieron las secuencias de dos individuos correspondientes a este nuevo morfotipo, las cuales fueron confrontadas con otras depositadas en el GenBank procedentes de distintas localidades del Viejo y Nuevo Mundo. Por otro lado y con el fin de comprobar la consistencia de las reconstrucciones, el análisis se realizó utilizando los métodos: *Neighbour Joining*, Máxima Parsimonia, Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana. Pese a los distintos fundamentos que subyacen a cada uno de los métodos ensayados, los resultados no mostraron diferencias significativas, pudiéndose concluir a partir del análisis de las diferentes topologías de árboles obtenidas que los individuos pertenecientes a la población bajo estudio, poseen un origen asiático. Estos resultados concuerdan con los obtenidos previamente por nuestro laboratorio para la población argentina.

GMOL 11

IDENTIFICACIÓN DE UN SEGMENTO GENICO PUTATIVO DE ADF ("ACTIN-DEPOLIMERIZING FACTOR") EN FRUTILLA (*FRAGARIA ANANASSA*)

Ontivero M.,^{1,2} S. M. Salazar,³ M. G. Martínez Zamora,⁴ J. C. Díaz Ricci,⁴ A. P. Castagnaro²

¹ Cátedra de Biología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Tucumán, Pcia. de Tucumán. ontiverom@yahoo.com

² Sección Biotecnología-Unidad asociada al INSIBIO, Estación Experimental Agroindustrial O. Colombres, Las Talitas, Pcia. de Tucumán.

³ Estación Experimental Agropecuaria Famaillá -INTA, Pcia de Tucumán.

⁴ Depto. Bioquímica de la Nutrición, INSIBIO (CONICET-UNT), Instituto de Química Biológica "Dr Bernabé Bloj", Universidad Nacional de Tucumán, Pcia. de Tucumán.

Los factores despolimerizantes de actina (ADFs) han sido identificados en numerosas plantas superiores, pero aún no fueron descritos en frutilla. Estas proteínas son cruciales en la reorganización del citoesqueleto que puede ser provocada por diversos estímulos, incluido el ataque de hongos. El objetivo del presente trabajo fue encontrar fragmentos de DNA de frutilla asociados con su resistencia frente a *C. acutatum*, uno de los hongos causantes de la antracnosis. Para ello, se analizó DNA genómico de genotipos híbridos resistentes al aislado M11 de *C. acutatum*, resultantes del cruzamiento de los cultivares de *F. ananassa* 'Pájaro' X 'Sweet Charlie', susceptible y resistente a dicho patógeno, respectivamente. En el análisis del DNA mediante "Bulk Segregant Analysis" y AFLP, se detectaron 3 bandas presentes solo en los genotipos resistentes, que fueron secuenciadas y analizadas con los programas ORF finder y BlastP. Uno de estos fragmentos, PSCH450, presentó homología con secuencias de ADFs anotadas en GenBank de *Arabidopsis thaliana*, *Gossypium hirsutum*, *Oryza sativa* y *Vitis vinifera*, entre otras especies. Además de ser la primera vez que se identifica una secuencia similar a ADF en frutilla, este resultado permitirá estudiar la contribu-

ción de dicha proteína en la defensa contra *C. acutatum* y su eventual utilización como marcador molecular de resistencia.

GMOL 12

VARIABILIDAD GENÉTICA Y EPIGENÉTICA EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS SINTÉTICOS DE *SOLANUM* Y EN EL HÍBRIDO INTERESPECÍFICO NATURAL *SOLANUM X RECHEI*

Cara N.,¹ C.F. Marfil,¹ R.W. Masuelli^{1,2}

¹ Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET. ncara@fca.uncu.edu.ar

² EEA La Consulta INTA.

Dentro del género *Solanum*, la contribución de la variabilidad epigenética a la amplia adaptabilidad ecológica de las poblaciones naturales está inexplorada, y es un aspecto que se desestima en la evaluación de las potencialidades del germoplasma silvestre en los planes de mejoramiento. Cambios en la metilación y, por lo tanto, en la expresión de secuencias específicas en especies tuberosas de *Solanum* podrían tener una participación decisiva en la especiación dentro de este género. Se ha propuesto hipotéticamente que 27 de las 235 especies silvestres de papa (*Solanum* sección *Petota*) son híbridos naturales. Hasta el momento *S. x rechei* es el único taxón de esta sección reexaminado y confirmado por haberse originado por hibridización homoploide entre *S. kurtzianum* (ktz) y *S. microdontum* (mcd). El objetivo general del proyecto es profundizar los estudios acerca de la amplia variabilidad genética, epigenética y fenotípica generada tras un evento de hibridización interespecífica homoploide entre especies tuberosas de *Solanum*. Se han colectado y seleccionado plantas de poblaciones naturales de ktz, mcd y *S. x rechei*. A través de las técnicas AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) y MSAP (Methylation-Sensitive Amplification Polymorphism) se está estudiando y comparando las variabilidades genética y epigenética, respectivamente. Mediante cruzamientos sexuales controlados ktz x mcd (y recí-

proco) se resintetizó el híbrido natural y comparando patrones de AFLP se encontraron rearrreglos genómicos en el híbrido respecto a los padres. Los híbridos sintéticos evaluados presentan morfología foliar similar a ktz, mientras que en el tallo predominan características de mcd, similar a lo observado en el híbrido natural.

GMOL 13

TIPIFICACION POR PCR - RFLP DE LAS ESPECIES CAUSANTES DE LEISHMANIASIS CUTANEA (LC) Y LEISHMANIASIS VISCERAL CANINA (LVC) EN LA PROVINCIA DE MISIONES

Acardi S. A.,¹ M. G. Giuliani,¹ M. S. Collado,¹ O. D. Salomon,² M. C. Monzani,¹ D. J. Liotta¹

¹ Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Universidad Nacional de Misiones. sorayacardi1@gmail.com

² CeNDIE. Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud "Dr. Carlos G. Malbrán" Buenos Aires.

La Leishmaniasis es una zoonosis causada por parásitos del género *Leishmania* (*Kinetoplastida: Trypanosomtidae*). En los protozoos parásitos de este género el gen mini-exon se presenta en repeticiones en tándem de 100 a 200 copias, su exon se encuentra altamente conservado mientras que el intron y regiones espaciadoras no transcritas presentan alta variabilidad de tamaño y secuencia entre las diferentes especies de *Leishmania* sp. Esta enfermedad se presenta bajo dos manifestaciones clínicas diferentes conocidas como Leishmaniasis Cutánea (LC) y Leishmaniasis Visceral (LV), dependiendo de la especie involucrada en la infección y la respuesta inmunológica del hospedador. El objetivo del presente trabajo es realizar la tipificación de la/s especie/s de *Leishmania* causantes de LC y de LVC en la provincia de Misiones. Se analizaron muestras clínicas humanas correspondientes a biopsias de úlceras cutáneas provenientes de hospitales de Pto Iguazú y Pto Esperanza en 2005 y 2008 como así también muestras clínico-veterinarias que consistieron en aspirados de ganglio

poplíteo de canes. La tipificación de *Leishmania* sp. se realizó por PCR-RFLP según Marfurt *et al.* 2003. Se requirió el consentimiento de las personas participantes. El total de las nueve biopsias de casos humanos analizadas resultaron positivas por PCR-RFLP para la especie *Leishmania braziliensis*. En tanto que las cuatro muestras pertenecientes a canes resultaron ser *Leishmania chagasi infantum*. En vista de los resultados obtenidos el ensayo de PCR-RFLP con blanco en esta secuencia se presenta como una alternativa valiosa para tipificación de las especies causantes de LC y LVC presentes en la provincia

GMOL 14

AVANCES EN LA TIPIFICACIÓN GEN-ESPECÍFICA DEL MHC EQUINO

Díaz S.,¹ M. M. Manganare,^{1,2} P. Peral García,¹ G. Giovambattista¹

¹ Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV) CCT La Plata - Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata - CONICET. Av 60 y 118 s/n - CC 296, La Plata, 1900.

sdiáz@fcv.unlp.edu.ar

² Becario del CONICET.

Los genes del Complejo Principal de Histocompatibilidad (MHC) son excelentes marcadores moleculares para estudios poblacionales, evolutivos y de asociación con enfermedades infecciosas y autoinmunes, pero en equinos los sistemas de tipificación no están estandarizados. Dentro del MHC, los genes multicopia *DRB* son altamente variables en el dominio proteico de interacción con antígenos, codificado en el exón 2. En equinos se reportaron tres genes *DRB* funcionales y 20 alelos, los cuales no se asignaron a un gen específico, y los métodos de detección disponibles no discriminan entre las diferentes copias génicas. Se caracterizaron las secuencias comprendidas entre el promotor y el exón 3 para comparar las copias de los genes *ELA-DRB* con el fin de desarrollar métodos de tipificación gen-específico. En base a las secuencias genómicas reportadas en el Genoma Equino se diseñaron 13 ceba-

dores que combinados permiten amplificar subregiones dentro de esta zona en 15 caballos de diferentes razas equinas. Las secuencias de los productos de amplificación se determinaron por secuenciación directa. Los resultados obtenidos demostraron que: 1) existen más de tres genes *DRB* y pseudogenes; 2) se asignaron los alelos reportados a los genes *DRB2*, *DRB3* y *DRBy1*; 3) no se pudo detectar la presencia del gen *DRB1* en los animales analizados; 4) se describen nuevos alelos del promotor y de los exones 2 y 3; y 5) se reporta la presencia de un microsatélite en el intrón 2 proximal. La información obtenida permitió el desarrollo de métodos de tipificación específicos para los genes *DRB2* y *DRB3*.

GMOL 15

DESARROLLO DE UN MAPA FINO DE LA REGIÓN DISTAL DEL CROMOSOMA 3BS DE TRIGO, QUE INCLUYE UN GEN DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA DE EXPRESIÓN EN PLANTA ADULTA

Velásquez S. M., M. F. Pergolesi, M. J. Diéguez, L. R. Ingala, M. V. López, F. Sacco

Instituto de Genética "Ewald A. Favret" CICVyA, CNIA, INTA, CC25 1712, Castelar.

melina.velasquez@gmail.com

El gen *Sv2* de resistencia a roya de la hoja de expresión en planta adulta proviene del cultivar con resistencia durable Sinvalocho MA y fue ubicado físicamente en el cromosoma 3BS. El clonado posicional requiere disponer de un mapa fino de la región (donde las distancias genéticas representen las distancias físicas) e involucra el análisis de al menos 1000 individuos segregantes. En el presente trabajo se buscaron en la literatura marcadores moleculares en el 3BS, se analizó el polimorfismo entre las líneas parentales Sinvalocho y Gamma6 y se mapearon aquellos polimórficos en una población de 351 individuos F2.

En total fueron analizados 52 marcadores de tipo SSR, STM, STS e ISBP y de los veinte que resultaron polimórficos, se seleccionaron 10 para ser testeados en una pobla-

ción de 91 RILs F9, formando un grupo de ligamiento que incluyó al gen y a otros 13 marcadores previamente mapeados. Como primera aproximación para desarrollar un mapa fino, seis de estos marcadores fueron incorporados a un mapa previo construido con 4 marcadores utilizando una población F2 de 351 individuos. Se delimitó un intervalo de 5.1cM que incluye al gen. El marcador más cercano es el AFLP P40/M42-325 a 0.4 cM distales que equivale a aproximadamente 350Kb en una región subtelmérica en trigo. Dos de ellos, que enmarcan un intervalo de 1.5cM alrededor del Sv2, fueron ubicados en un mapa físico del cromosoma 3B en dos contigs adyacentes de 1552 y 1442Kb, respectivamente, abriendo una buena perspectiva al clonado posicional del Sv2.

GMOL 16

AMPLIFICACIÓN DE SECUENCIAS ITS EN DIFERENTES CEPAS DE *GANODERMA APPLANATUM*

Tejerina M. R., M. I. Fonseca, L. L. Villalba, P. D. Zapata

Laboratorio de Biotecnología Molecular, Modulo de Farmacia y Bioquímica, Facultad de Ciencias, Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Pcia de Misiones.

fonsecamariaaisabel@yahoo.com.ar.

El DNA ribosómico (rDNA) es una secuencia en el DNA que codifica los RNA que forman parte del ribosoma (18S, 5.8S y 28S). Son regiones génicas agrupadas en tándem. Las regiones intergénicas se denominan espacios transcritos internos (ITS). Los ITS son útiles en estudios de comparación filogenética a nivel intra e interespecífico debido al polimorfismo que presentan. El objetivo de este trabajo fue estandarizar las condiciones óptimas para la amplificación de secuencias ITS con el fin de caracterizar seis cepas de *Ganoderma applanatum* para posteriormente realizar estudios comparativos de la variabilidad intraespecífica. En este sentido se procedió a la extracción de DNA de micelios de las diferentes cepas crecidas en medio líquido. Estas muestras fueron utilizadas para establecer las

condiciones óptimas para la amplificación de las secuencias ITS mediante PCR. Las condiciones se establecieron variando la concentración de Cl_2Mg , temperatura de hibridación, cantidad de DNA y los ciclos de amplificación. Con las condiciones obtenidas se logro obtener un amplicón de 500 pb perteneciente a la región ITS para la posterior secuenciación y análisis de la variabilidad genética intraespecífica. Estos resultados dan una primera aproximación al estudio de las ITS como herramienta esencial para el estudio de polimorfismo en cepas de *Ganoderma applanatum*.

GMOL 17

ANALISIS MEDIANTE HERRAMIENTAS BIOINFORMATICAS DE UN FRAGMENTO CONSERVADO DEL GEN COI EN ESPECIES DE LA FAMILIA SARCOPHAGIDAE (DIPTERA) Y ESTANDARIZACION DE LAS CONDICIONES PARA SU AMPLIFICACION

Martos Y. V., M. M. Tiscornia, P. D. Zapata

Laboratorio de Biotecnología Molecular. FCEQyN – Universidad Nacional de Misiones. Posadas. Misiones. bcmb@fceqyn.unam.edu.ar

La identificación inequívoca de los especímenes colectados a partir de un cuerpo es esencial para la Entomología Forense. Sin embargo, no todas las especies son diferenciables entre sí en cada estadio del desarrollo, como es el caso de los dípteros de la familia Sarcophagidae. La técnica de PCR-RFLP es una herramienta muy útil para resolver dicho inconveniente, siendo el ADN mitocondrial el blanco de elección a la hora de realizar estos estudios. Los objetivos del trabajo fueron analizar, mediante herramientas bioinformáticas, fragmentos de 276 pb correspondiente a una porción del gen *col* en especies emparentadas a las locales *Sarcophaga crassipalpis*, *Oxisarcodexia meridionalis* y *O. paulistanensis* para predecir los sitios de restricción que permitan obtener un patrón de identificación de las mismas, y estandarizar las condiciones de amplificación por PCR para, en un futuro paso, digerirlo con las enzimas elegidas. Para ello se alineó la secuencia del gen *col* de *S. crassi-*

palpis obtenida en *GenBank* (AY315644) con la secuencia de otras 11 especies emparentadas mediante el programa *ClustalX 1.83* y utilizando el programa *Clone Manager* se eligieron los sitios de restricción a ensayar. Este análisis bioinformático permitió seleccionar a las enzimas *GsuI* y *EcoRV* porque digieren el fragmento en la mayoría de las especies analizadas, y a las enzimas *SspI* y *ApoI* porque permiten diferenciar a *S. crassipalpis* de la especie más emparentada. Se logró amplificar el fragmento de *coI* mediante uso de cebadores para *Chrysomya rufifacies* utilizando 35 ciclos de amplificación a una T_m de 60°C.

GMOL 18

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN ESPECIES DE IMPORTANCIA ECONÓMICA DEL GENERO *ILEX* MEDIANTE TÉCNICAS MOLECULARES

Bubillo R. E.,¹ D. J. Liotta,¹ R. Barbón Rodríguez,² L. D. Belingheri,³ S. D. Prat Kricun³

¹ Laboratorio de Biología Molecular Aplicada (Labi-map). Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones (FCs. E. Gcas. y Nat. - UNaM).
rbubillo@cerro.inta.gov.ar.com

² Universidad Central "Marta Abreu" de Las Villas. Instituto de Biotecnología de las Plantas (IBP). República de Cuba.

³ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-Estación Experimental Cerro Azul (INTA-EEA Cerro Azul).

En la presente investigación fueron analizados datos de 60 individuos del Género *Ilex*

de las especies de importancia económica, *I. paraguariensis* (*sin. yerba*) e *I. dumosa*, colectados en la INTA-EEA Cerro Azul. La extracción de ácidos nucleicos fue realizada con el protocolo propuesto por Doyle y Doyle modificado por Cavalli-Molina y Gauer. La técnica PCR-RAPD fue utilizada para realizar esta pesquisa. Los cebadores RAPD con mayor número de bandas informativas, investigados anteriormente a este trabajo, fueron empleados: OpA₀₆, OpA₀₈, OpB₀₁ y OpB₀₇. Para analizar los resultados de las reacciones de amplificación, se realizaron electroforesis en geles de agarosa. Dichos geles fueron fotografiados, escaneados y medidas las distancias de migración de las bandas para luego construir matrices de doble entrada, donde la presencia de las bandas fueron nominadas con "1" y las ausencias como "0". Las matrices generadas fueron procesadas en diferentes programas informáticos para obtener árboles de agrupamiento. Los Índices de Shannon-Weaver (H') (1948) y Nei Clásica (1972) y no Sesgada (1978) (G_{ST} y D), así como la Diversidad Genética Intrapoblacional también fueron calculados. La evaluación de los ejemplares mediante estos marcadores moleculares permitió establecer la diversidad genética intraespecífica de las especies género *Ilex*; *I. paraguariensis* e *I. dumosa*, pero no la interespecífica. El cebador con mayor cantidad de bandas informativas fue OpA₀₈. Con los marcadores utilizados en este análisis no se podría identificar la presencia de una especie en una mezcla de materiales bajo estudio, puesto que dichos cebadores no presentaron la sensibilidad necesaria.

Comunicaciones libres: Genética de poblaciones y evolución

GPE 1

IMPACTO ECOLÓGICO DE LOS GENES DEL GIRASOL CULTIVADO EN LA ESPECIE SILVESTRE *HELIANTHUS PETIOLARIS*

Gutierrez A., M. Cantamutto, M. Poverene

Departamento de Agronomía UN del Sur, CERZOS-CONICET. aguti@criba.edu.ar

El flujo génico desde el cultivo hacia las poblaciones silvestres origina a menudo híbridos con una aptitud biológica reducida comparada con sus progenitores. Las características aportadas por el genoma cultivado podrían alterar las interacciones bióticas de un genotipo silvestre en su ambiente. El objetivo de este trabajo fue estudiar el comportamiento de plantas de generaciones avanzadas de cruza de *Helianthus petiolaris* polinizado por girasol, *H. annuus* var. *macrocarpus* frente a enfermedades fúngicas, ataque de insectos y competencia intra e interespecífica. Se evaluaron descendencias de cruza de primera generación por polinización abierta (PA) y *H. petiolaris* (HP) de las respectivas poblaciones de cuatro localidades de La Pampa y una de San Luis, como control. Las variables estudiadas fueron diámetro de tallo, altura de planta, peso seco, número de capítulos y niveles de daño causados por cuatro hongos patógenos y un lepidóptero. Los resultados mostraron que las poblaciones de HP fueron muy poco afectadas por el ataque del insecto y las enfermedades fúngicas, comparadas con las PA, encontrándose diferencias altamente significativas para cuatro de las cinco adversidades monitoreadas. Si bien la biomasa de PA superó significativamente a todos los HP, el número de capítulos fue significativamente menor, lo que indica una menor aptitud biológica de los descendientes de híbridos interespecíficos. El flujo génico del girasol cultivado en *H. petiolaris* afectó las interacciones bióticas entre plantas y con sus predadores,

demostrando que los genes del cultivo alteran las relaciones ecológicas en las poblaciones silvestres.

GPE 2

CLASIFICACION DE HIBRIDOS NATURALES ENTRE ESPECIES ANUALES DEL GENERO *HELIANTHUS*

Mondón A.,* A. Gutierrez, A. Presotto, S. Ureta, M. Cantamutto, M. Poverene

Departamento de Agronomía UN del Sur, CERZOS-CONICET, 8000 Bahía Blanca.

poverene@criba.edu.ar

*Becaria CIC.

La existencia de zonas híbridas del género *Helianthus*, donde conviven *H. petiolaris*, *H. annuus* silvestre y girasol cultivado en cuatro localidades de las provincias de La Pampa y Buenos Aires (BAG 19S: 208, 2008) fue confirmada mediante un estudio comparativo. Se utilizaron 13 caracteres morfológicos métricos para caracterizar descendencias de cruza controladas entre líneas endocriadas de girasol x *H. petiolaris*, cultivares híbridos comerciales x *H. petiolaris*, voluntarios x *H. petiolaris*, *H. annuus* silvestre x *H. petiolaris* y su cruzamiento recíproco, generaciones avanzadas de híbridos de girasol cultivado x silvestre, así como también las especies silvestres *H. annuus* y *H. petiolaris*. Las progenies de plantas colectadas en las cuatro localidades fueron comparadas con las anteriores mediante análisis multivariado (PCA, discriminante y conglomerados). El análisis discriminante clasificó las plantas incógnita dentro de los diversos grupos de cruza controladas. El análisis de conglomerados agrupó los materiales según su origen materno, con un marcado efecto del genitor cultivado. Descendientes de cruza de girasol x *H. petiolaris* se agruparon con *H. annuus* silvestre. Algunas progenies incógnita se agruparon con las cruza entre

las dos especies silvestres. En dos localidades las progenies provendrían de cruzamientos de girasol x *H. petiolaris*, originando en algunos casos descendientes morfológicamente similares a *H. annuus* silvestre. Este análisis corroboró el origen híbrido de los materiales de morfología intermedia observados de las zonas híbridas donde conviven ambas especies silvestres y el girasol doméstico.

GPE 3

DIVERSIDAD GENÉTICA ENTRE LAS SEIS VARIETADES DE *ACACIA CAVEN*, EVALUADA A NIVEL MOLECULAR MEDIANTE LA TÉCNICA DE RAPD

Pometti C.,¹ J. Vilardi,¹ A. Cialdella,² B. Saidman¹

¹ Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Pabellón 2, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, 1428 Buenos Aires, Argentina. cpometti@ege.fcen.uba.ar

² Instituto de Botánica Darwinion, Labardén 200, 1642 San Isidro, Buenos Aires, Argentina.

El género *Acacia* (Leguminosae, Mimosoideae) incluye más de 1450 especies de distribución pantropical, siendo *A. caven* una de las especies más ampliamente distribuidas en América del Sur. En función de la morfología de su fruto se han descrito 6 variedades: *caven*, *macrocarpa*, *dehiscens*, *sphaerocarpa*, *stenocarpa* y *microcarpa*. La propuesta de este estudio fue utilizar la técnica de RAPD para analizar los niveles de variabilidad y diferenciación genética en 15 poblaciones de estas 6 variedades. El análisis de la estructura poblacional basado en 47 bandas RAPD polimórficas, obtenidas con 5 cebadores, indicó que el componente de variabilidad dentro de las poblaciones ($H_w = 0.25$) es mayor que entre poblaciones ($H_b = 0.13$) y que el grado de diferenciación genética estimado mediante el F_{ST} (0.34) es altamente significativo. El AMOVA indicó que la diversidad genética entre poblaciones dentro de cada variedad representa el 37.5% de la varianza total, el 60.6% de la variación ocurre dentro de las poblaciones. La varianza entre variedades fue relativamente más baja (1.9%) pero igualmente significativa. Los resultados obtenidos hasta el presente

nos permiten postular que existiría una base genética para las diferencias morfológicas encontradas en las 6 variedades de esta especie.

GPE 4

ESTIMACIÓN DEL SISTEMA DE APAREAMIENTO EN UNA POBLACIÓN NATURAL DE *PROSOPIS KUNTZEI* MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES (SSR)

Bessega C.,^{1,2} J. C. Vilardi,^{1,2} M. Ewens,³ B. O. Saidman^{1,2}

¹ Laboratorio de Genética, FCEyN, UBA. cecib@ege.fcen.uba.ar

² CONICET.

³ Estación Experimental Fernández, Santiago del Estero.

Prosopis kuntzei es un árbol considerado de fecundación cruzada, protogino y autoincompatible. Sin embargo algunos autores proponen que podría tener autofecundación parcial. Dada la dificultad de realizar cruza-mientos controlados en esta especie, el objetivo del trabajo fue estimar parámetros del sistema de fecundación para un modelo mixto, en base a la segregación de marcadores SSR en familias individuales. Se estudiaron 5 loci en 10 familias provenientes de fecundación abierta, muestreadas en Loreto (Santiago del Estero). De cada familia se analizaron aproximadamente 6 individuos (semillas). Mediante el programa MLTR (Ritland, 2002) se estimaron los parámetros tm (tasa de exocruza multilocus), ts (tasa de exocruza de loci simples), rt (correlación de tm dentro de grupos fraternos) y rp (correlación de paternidad dentro de los grupos fraternos). Los resultados indicaron que la especie podría tener hasta un 25% de autofecundación y que la tasa de exocruza varía entre familias. Los individuos analizados en cada familia serían mayormente medios hermanos, pero habría cierta endogamia biparental (5,8%). Los resultados obtenidos en esta población, indican que el porcentaje de autofecundación en *P. kuntzei* sería alrededor de un 10% mayor que el de otras especies de la sección Algarobia, resultado que podría

explicar parcialmente su menor variabilidad genética.

GPE 5

ESTUDIO DEL VIRUS PAPILOMA HUMANO TIPO 18 COMO MARCADOR MOLECULAR NO TRADICIONAL EN EL ESTUDIO DE LA MIGRACION HUMANA

Salazar-Cespedes C. R.,¹ I. Badano,¹ F. A. Di Lello,² R. H. Campos,² M. A. Picconi,³ D. J. Liotta¹

¹ Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Universidad Nacional de Misiones.

inesbadano@yahoo.com.ar

² Cátedra de Virología, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires.

³ Servicio de Virus Oncogénicos, Departamento Virología, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", Bs. As.

El Virus Papiloma Humano tipo 18 (HPV18) presenta una prevalencia del 5% en la población general y es uno de los principales responsables del desarrollo de cáncer de cuello uterino. Además de su significado clínico, el estudio de la variación genética en la región de control larga (LCR) de este virus ha permitido identificar *variantes* de diferentes áreas geográficas (Africanas, Europeas, Asiáticas y Asiático-Americanas). Este descubrimiento ha sido interpretado como una antigua propagación del HPV18 y su co-evolución con el hombre siguiendo el modelo "Fuera de África". En este contexto, las variantes podrían servir como marcador molecular antropológico lo que aportaría nuevos datos al análisis de patrones migratorios humanos. El objetivo del presente trabajo fue Caracterizar las variantes de HPV18 en mujeres de Posadas, Misiones. Para ello se utilizó la siguiente metodología: El análisis de variabilidad se realizó por PCR y secuenciación de LCR. Las variantes fueron clasificadas de acuerdo a sus relaciones filogenéticas (según Ong y col, 1993). Sobre 140 muestras analizadas, 7 (5%) estaban infectadas con HPV18; de ellas, 80% perteneció a la rama Europea y 20% a la rama Asiático-Americana. En Misiones conviven pueblos Guaraníes e inmigrantes de diverso origen (alemanes, polacos, ucranianos). Además,

dada su ubicación geográfica fronteriza, la región posee un intenso tránsito con Paraguay y Brasil. La alta prevalencia de las variantes Europeas podría indicar una introducción del virus durante la inmigración Europea. Este estudio ayuda a comprender los patrones de dispersión viral a través de las poblaciones humanas y a profundizar el conocimiento de la epidemiología molecular de estos virus.

GPE 6

COMPARACIÓN DE MÉTODOS ALTERNATIVOS DE SECADO EN TRES POBLACIONES DE MAÍZ, PARA SU CONSERVACIÓN EN BANCO DE GERMOPLASMA

Pantuso F. S.,^{1,2} D. Flores,² Y. Minichello,² J. Maidana,² D. Giacobbe Boggie,² N. Aguirre²

¹ Genética y Mejoramiento, Dto. Tecnología, Universidad Nacional de Luján.

² Licenciatura en Genética, Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales, Universidad de Morón. pantuso@speedy.com.ar

Parte de la diversidad genética presente en las poblaciones nativas de maíz se almacenan en los bancos de germoplasma en forma de semillas, para ello se deben secar a una humedad del 5% (bs). El objetivo del presente trabajo fue comparar el secado de tres poblaciones de maíz utilizando un deshumificador y un segundo método alternativo de secado con arcilla, empleándose para ello bentonita sódica a 25 °C con una relación arcilla:grano de 3:1. Para el secado en deshumificador se utilizó un equipo "Money Combe HC-1125 a 18 °C y 15% de humedad relativa. Las muestras de maíz de 20 gr., se envasaron en bolsas de lienzo de 85 por 120 mm, cerradas con precinto plástico, colocándose sobre estantes perforados que posee la cámara. Las poblaciones de maíz fueron provistas por el Banco Activo de germoplasma del INTA Pergamino. Se realizó la caracterización geométrica del material genético mediante el cálculo del radio equivalente por piconometría. Se procedió al recambio de la arcilla en contacto con el grano cada 24 hs.

El diseño empleado en la planificación y procesamiento de los datos fue un Diseño completamente aleatorizado, evaluándose los niveles de humedad a los 5, 8 12 y 14 días. Se emplearon tres poblaciones de maíz (*Zea mays* L.) con distintos tipos de endosperma, pertenecientes a las siguientes variedades: var saccharata (Sturtevant), var amilácea (Sturtevant), var indurata (Sturtevant). El tiempo requerido para el tratamiento con arcilla para alcanzar el 5% de humedad (BS) fue de 7, 9 y 7 días respectivamente. Mientras que con el deshumidificador fue en todos los casos mayor a 22 días para las tres poblaciones. Los resultados obtenidos muestran que el método con arcilla obtuvo diferencias estadísticamente significativas ($\alpha < 0.01$) para los tiempos de secados, no observándose diferencias entre poblaciones utilizadas.

GPE 7

CARACTERIZACIÓN DE RAZAS NATIVAS DE MAÍZ (*ZEAMAYS SSP. MAYS*) DEL NOROESTE ARGENTINO (NOA)

Rivas J. G.,^{1,2} V. V. Lia,¹ A. R. Schlatter,³ A. L. Vicario,² J. Schinf,⁴ E. Hopp,¹ N. Paniego¹

¹ Instituto de Biotecnología, CICVyA, CNIA, INTA, Las Cabañas y Los Reseros s/n, Castelar (B1712 WAA), Argentina. grivas@inase.gov.ar

² Instituto Nacional De Semillas (INASE), Paseo Colón 922, Ciudad de Buenos Aires (C1063ACW). Argentina.

³ Laboratorio de Biotecnología, Estación Experimental INTA Pergamino, Ruta 32 Km 4,5 (CP 2700) Pergamino - Pcia. de Buenos Aires, Argentina.⁴ Cátedra de Cereales y Forrajes, Universidad Nacional de Jujuy.

El estudio de la diversidad genética es una forma de preservar y valorizar las especies, evitando la pérdida de recursos genéticos. En el NOA existen desde épocas precolombinas especies de gran valor etnobotánico y agronómico. El 40 % de las razas de maíz descritas en Argentina pertenecen a esta región, En el Banco Activo de Pergamino (BAP) está representada la variabilidad de las razas locales con más de 2.360 entra-

das identificadas mediante descriptores fenotípicos de mazorca y grano. Con el fin de caracterizar éstas entradas, se realizó un estudio preliminar sobre 19 razas (304 individuos) utilizando 10 marcadores de tipo microsátélites y 16 caracteres morfológicos. El análisis genético mostró altos niveles de diversidad con un promedio de alelos por locus de 10,2 y una heterocigosis media esperada de 0.68. Las razas estudiadas exhibieron una diferenciación moderada ($F_{st} = 0.1$), en tanto que los patrones de relación hallados revelan la contribución de complejos génicos de distinto origen al germoplasma de la región.

El análisis de componentes principales permitió diferenciar 2 grupos morfológicos bien definidos, correlacionados con la altura y el follaje de las plantas, pero no con las afinidades raciales propuestas previamente. En conclusión la diversidad observada tanto a nivel genético como morfológico valoriza los materiales conservados en el BAP como fuente de fenotipos y alelos de interés Asimismo, este trabajo aporta criterios y herramientas que contribuyen a comprender la dinámica del mantenimiento de la variabilidad en los programas de conservación ex-situ y favorece la clasificación y preservación de los cultivos locales.

GPE 8

VARIACION DE LOS GENES COMT E IL1RN EN TRES PROVINCIAS ARGENTINAS

Glesmann L. A., E. J. López Soto, L. Vidal Rioja, C. I. Catanesi

Laboratorio de Genética Molecular, IMBICE, La Plata, Buenos Aires. laugles@gmail.com

Diversos estudios han demostrado una gran variabilidad interindividual en la sensibilidad a estímulos nocivos y en la capacidad para desarrollar síndromes de dolor crónico. El componente genético influye de manera significativa sobre estas diferencias individuales, por lo cual es importante conocer las variantes genéticas que presenta una población de una región geográfica determinada, como punto de partida para estudios

posteriores de ligamiento y de asociación. Con el objetivo de conocer la distribución de dichos polimorfismos en nuestra región, analizamos un VNTR en el gen IL1RN (antagonista natural de interleuquina 1) y dos SNPs del gen COMT (catecol-o-metil transferasa) rs4680 y rs4818 que están involucrados en las vías de sensibilidad al dolor. Tipificamos estos marcadores mediante PCR estándar, PCR alelo específica y PCR-RFLP respectivamente, en 212 argentinos procedentes de centros urbanos de las provincias de Buenos Aires (n=105), Corrientes (n=30) y Misiones (n=77). La distribución de las frecuencias alélicas fue similar para las tres poblaciones en los marcadores analizados, y los valores de AMOVA, obtenidos del programa ARLEQUIN, muestran mayor cantidad de variación dentro de cada población. Las frecuencias genotípicas para COMT se ajustaron al equilibrio de Hardy-Weinberg (test exacto, calculado con ARLEQUIN), mientras que IL1RN presentó desajustes en las tres poblaciones, quizás debido a los tamaños muestrales. No se hallaron diferencias marcadas en relación con datos bibliográficos para poblaciones europeas, y la contribución de comunidades amerindias locales no habría influido en la distribución de frecuencias de estos marcadores, aunque estos resultados deben confirmarse en tamaños muestrales mayores.

GPE 9

ESTRUCTURA POBLACIONAL EN POBLACIONES NATURALES DE *ANASTREPHA FRATERCULUS* (DIPTERA, TEPHRITIDAE) DE TUCUMÁN

Paulin L. E.,¹ A. C. Alberti,¹ L. Oroño,² S. M. Ovruski,² B. O. Saidman,³ M. Aluja,⁴ J. C. Vilardi¹

¹ Genética de Poblaciones Aplicada, EGE, FCEyN, Universidad de Buenos Aires.

lpaulin@ege.fcen.uba.ar

² División Control Biológico de Plagas PROIMI-CONICET, Tucumán.

³ Laboratorio de Genética, EGE, FCEyN, Universidad de Buenos Aires.

⁴ Instituto de Ecología, Asociación Civil, Xalapa, México.

Anastrepha fraterculus, la mosca sudamericana de los frutos, es una importante plaga en regiones tropicales y subtropicales de América. Utiliza como sitios de cría y alimentación frutos de diversas especies nativas y cultivadas. Desde el punto de vista taxonómico representa un problema complejo dada su gran variación morfológica, genética y de comportamiento entre poblaciones de distintas regiones del continente. En el presente trabajo se analizó la estructura poblacional a partir de muestras obtenidas en un área vecina a Horco Molle, Tucumán, Argentina, de frutos de 3 especies hospederas: guayabas, nogales y duraznos. Mediante la técnica de ISSR se obtuvieron 28 loci variables. Utilizando el programa Spagedi se estimó el parentesco entre todos los pares de individuos y se realizó un análisis de autocorrelación espacial entre dichos parentescos considerando 7 intervalos de distancia geográfica. El parentesco promedio en el primer grupo es de 0.09 y se reduce a valores no significativos a partir del segundo intervalo. El análisis de estructura poblacional realizado mediante el programa AFLPsurv mostró escasa diferenciación genética entre moscas emergidas de distinta especie hospedera ($F_{ST} = 0.003$) e indicó que el 99% de la diversidad ocurría dentro de estos grupos. Sin embargo, un análisis discriminante de correspondencias basado en los patrones de ISSR separó eficientemente los individuos en

3 grupos correspondientes a los hospederos de origen. Los resultados obtenidos hasta el presente sugieren que la dispersión sería limitada y que existirían diferencias significativas entre las poblaciones que utilizan distintos hospederos.

GPE 10

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD HAPLOTÍPICA Y SU PARTICIÓN EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY (*ANADENANTHERA COLUBRINA VELL BRENNAN VAR CEBIL*)

Barrandeguy M. E.,^{1,2} P. V. Bertorello,¹ M. V. García^{1,2}

¹ Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones.

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

Anadenanthera colubrina (curupay), es un recurso forestal misionero del cual persisten poblaciones fragmentadas al sur de la provincia. Se determinó la variación alélica y haplotípica para los loci cpSSRs *AcNtcp8* y *AcNtcp9* (GeneBank accesión FJ560724, FJ560725, respectivamente) para caracterizar la diversidad génica y determinar la estructura genética poblacional. Se estudiaron 30 individuos provenientes de Santa Ana y Candelaria, identificándose 2 subpoblaciones en cada una. Se estimó la diversidad génica de Nei (h) y el número efectivo de alelos (n_e). Se aplicó el método de Brown para el análisis de la subdivisión poblacional, el test de Ewens-Watterson para testar el exceso de haplotipos compartidos y se calculó F_{ST} . Se construyó un dendrograma basado en las distancias genéticas de Nei. Estos análisis se realizaron mediante los programas *Popgene 1.32* y *Arlequín 3.1*. El locus *AcNtcp8* presentó 6 alelos y el locus *AcNtcp9* presentó 7, estableciéndose 14 haplotipos. Los análisis de diversidad genética revelaron una diversidad moderada a alta ($h=0,74$ y $n_e=3,85$). La covarianza de las frecuencias alélicas (WC) fue mayor en relación a la interacción de esta covarianza con el desequilibrio pobla-

cional promedio (AI) indicando subdivisión poblacional ($F_{ST}= 0,22$). El test de Ewens-Watterson detectó escasez de haplotipos compartidos entre poblaciones y no hubo coincidencia entre haplotipos más frecuentes. El dendrograma muestra que una de las subpoblaciones de Santa Ana se distancia del resto. Estos resultados indican que la diversidad genética se encuentra estructurada en estas subpoblaciones. Esto sería consecuencia de flujo génico restringido mediado por semilla y esta fragmentación sería reciente.

GPE 11

POLIMORFISMOS CROMOSÓMICOS EN *CORNOPS AQUATICUM* (ACRIDIDAE: LEPTYSMINAE): CORRELACIONES CON VARIABLES MORFOMÉTRICAS

Romero M. L., P. C. Colombo, M. I. Remis

Laboratorio de Genética de la Estructura Poblacional, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN., UBA. mlucianar@ege.fcen.uba.ar

C aquaticum es un Acrido semiacuático cuya distribución se extiende desde el sur de México (23°N) hasta Uruguay y el NE de Argentina (35°S). Se alimenta exclusivamente de hojas de especies del género *Eichhornia* (camalotes), plantas autóctonas actualmente consideradas como “la peor maleza acuática del mundo” debido a su introducción como planta ornamental. Su cariotipo incluye tres fusiones céntricas entre los pares 1/6, 2/5 y 3/4, restringidos al curso inferior del río Paraná, entre Rosario y Buenos Aires. Las frecuencias de las fusiones incrementan hacia el sur, mostrando entonces una clina geográfica. Estudios previos indican que en los portadores de fusiones la recombinación está reducida por la disminución de la segregación independiente y por la menor frecuencia de quiasmas proximales e intersticiales. Se estudió el efecto de las fusiones céntricas sobre características morfométricas en dos poblaciones cromosómicamente polimórficas. Se midieron el largo total, de fémur, tibia, protórax y tegmina y altura del tórax en individuos machos de las poblaciones de San

Pedro y Zárate. Se halló una correlación positiva y significativa entre la fusión 1/6 y el largo del fémur ($P=0.04$), la tibia ($P=0.03$) y la tegmina ($P=0.04$). La fusión 3/4 mostró también una relación positiva y significativa con la longitud de la tegmina ($P=0.028$). Nuestros resultados apoyarían la hipótesis que las fusiones podrían modificar el posicionamiento de los cromosomas en el núcleo, resultando en una expresión génica alterada, y a efectos sobre el fenotipo. Estos efectos podrían estar relacionados con el mantenimiento de su condición polimórfica.

GPE 12

EVOLUCION DE LA REPRODUCCION ASEJUAL EN *NAUPACTUS CERVINUS* (COLEOPTERA, CURCULIONIDAE)

Rodriguero M. S.,¹ C. Tomatis,¹ N. V. Guzmán,¹ A. A. Lanteri,² V. A. Confalonieri¹

¹ Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. rodriguero@ege.fcen.uba.ar

² División de Entomología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de la Plata.

Naupactus cervinus es un gorgojo partenogénico de importancia agronómica debido a su *status* de plaga en una gran parte de su rango geográfico (zonas recientemente colonizadas). En el presente trabajo se estudiaron las consecuencias de la partenogénesis sobre la distribución espacial de la variabilidad genética de dicho gorgojo a fin de contrastar la ocurrencia de partenogénesis geográfica. Dicho patrón implica que las formas ancestrales (sexuales) se ubicarían en la zona en la que divergió la especie, donde se concentrarían elevados niveles de diversidad genética, mientras que las formas derivadas (asexuales) se encontrarían en las áreas marginales de la distribución (zonas perturbadas por la actividad humana o países conquistados mediante el intercambio comercial), donde se registrarían bajos niveles de variabilidad.

El estudio se encaró mediante un análisis filogeográfico que incluyó 309 secuencias mitocondriales del gen COI y 218 secuencias

nucleares ITS1 de individuos adultos muestreados en 38 localidades, principalmente en Argentina y Brasil. Los resultados del análisis sugieren que el área central de la distribución se ubicaría en la selva paranaense, hoy muy reducida por la intensa deforestación producida durante las últimas décadas. Ambos marcadores, así como su análisis conjunto, indican que la especie ha sufrido una expansión continua de su rango geográfico hacia las zonas marginales de la distribución.

Estos resultados avalan la hipótesis de que la partenogénesis constituyó una ventaja para la colonización de ambientes marginales, ya que un único individuo de *N. cervinus* podría fundar una nueva población, permitiendo la conquista de áreas muy distantes del globo.

GPE 13

ANALISIS DE LA DIVERGENCIA ADAPTATIVA EN LOS BIOTIPOS TETRAPLOIDE Y PENTAPLOIDE DE PASTO MIEL (*PASPALUM DILATATUM* POIR.)

García M.V.,^{1,2} M. J. Arturi³

¹ Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones.

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

³ Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata.

P. dilatatum es una gramínea perenne, de ciclo estivo-otoñal y de reproducción predominantemente apomíctica. Presenta cinco biotipos, los que se definen por su ploidía y algunas características morfológicas. Se analizó la diversidad genética mediante 60 marcadores moleculares RAPDs y la diversidad fenotípica de seis caracteres vegetativos y de seis caracteres reproductivos bajo la hipótesis de que existiría divergencia adaptativa entre los biotipos “Flavescens” tetraploide ($2n=4x=40$) y apomíctico y “Común” pentaploide ($2n=5x=50$) de reproducción sexual. Para validarla se analizó la variación intra e interbiotipos y se obtuvieron sus índices de

diferenciación. Se analizaron 32 individuos tetraploides y 120 pentaploides, provenientes de la Depresión del Salado (Buenos Aires). Se realizó un ANOVA anidado completamente aleatorizado considerando como fuentes de variación a los genotipos y a las repeticiones dentro de genotipos. El nivel de variación de genotipos fue desglosado en subniveles conteniendo a los genotipos tetraploides, los pentaploides y a la diferencia entre ambos. A partir de los CME de genotipos y de repeticiones en genotipos se calcularon los índices Q_{ST} para todos los caracteres cuantitativos. Para los RAPDs se desarrolló un AMOVA discriminando entre biotipos y se obtuvo un valor de F_{ST} . Los valores de Q_{ST} promediaron 0,45 para los caracteres vegetativos y 0,50 para los reproductivos en tanto que F_{ST} sólo alcanzó un valor de 0,013. Estas diferencias en los índices de diferenciación no permiten explicar la diferenciación genética entre biotipos para los caracteres cuantitativos por procesos de deriva sino que deben considerarse procesos selectivos involucrados en esta diferenciación.

GPE 14

HERENCIA DEL TIEMPO DE MADURACIÓN SEXUAL EN MACHOS DE UNA CEPA MUTANTE DE *ANASTREPHA FRATERCULUS* (DIPTERA: TEPHRITIDAE)

Peralta P. A., D. F. Segura, F. H. Milla, J. L. Cladera
Laboratorio de Genética de Insectos de Importancia Económica, Instituto de Genética "Ewald A. Favret", INTA, Castelar. pperalta@cniia.inta.gov.ar

La maduración sexual de los machos de *Anastrepha fraterculus* constituye un proceso relativamente largo. Esto genera un incremento en los costos de aplicación de la Técnica del Insecto Estéril (TIE), debido a que se necesita mantener los insectos por un tiempo prolongado hasta su liberación. El objetivo de este trabajo fue, por un lado, realizar un estudio del carácter tiempo de maduración sexual en algunas cepas de laboratorio disponibles y contrastarlo con los valores que exhibe el carácter en la naturaleza. Por el otro, se propuso analizar la base génica del

carácter por medio de cruzamientos entre cepas que difieran en los tiempos de madurez sexual. El tiempo que tardaban los individuos en alcanzar la madurez sexual fue determinado mediante observaciones del comportamiento sexual, donde machos de distintas edades fueron confrontados con hembras vírgenes sexualmente maduras. Se encontró que una cepa (#3210) mostró una reducción significativa en el tiempo requerido para alcanzar la madurez sexual, respecto a la población silvestre. Al realizar el cruzamiento entre machos #3210 y hembras normales para el carácter (cepa L-TUC) y su recíproco, se observó que los hijos de los machos presentaron una maduración más rápida que los descendientes de hembras #3210. Por último se comprobó que los resultados anteriores se repiten en los descendientes de ambos sexos hasta la sexta generación. Esta cepa podría emplearse como modelo de estudio del carácter madurez sexual y ser utilizada en el marco de la implementación de TIE para esta especie.

GPE 15

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN FENOTÍPICA DE CARACTERES REPRODUCTIVOS EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY (*ANADENANTHERA COLUBRINA* (VELL.) BRENNAN VAR. *CEBIL*)

Alarcón P. C.,^{1,2} M. V. García^{1,3}

¹ Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones.

pamelcel@fceqyn.unam.edu.ar

² Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica - Misiones.

³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

Anadenanthera colubrina var. *cebil* (curupay) constituye un recurso forestal misionero que se encuentra en poblaciones fragmentadas al sur de la provincia. Se analizó la diversidad fenotípica de cinco caracteres reproductivos bajo la hipótesis de que existiría una mayor variación fenotípica dentro de las poblaciones que entre ellas. Para validarla se

cuantificó y analizó la variación fenotípica intra e interpoblacional de Longitud (LV) y Ancho (AV) de vaina, Longitud (LS) y Latitud de semilla (LtS) y Número de semillas por vaina (NSV). Se analizaron individuos provenientes de dos poblaciones naturales, Santa Ana y Candelaria, realizándose análisis de varianza intrapoblacionales de una vía y un análisis de varianza interpoblacional de dos vías anidado. Cuando las diferencias estadísticas resultaron significativas se realizaron los correspondientes contrastes entre medias. Se estimaron los componentes de la varianza total que se expresaron como porcentajes de contribución a la varianza total observada. Además, se estimaron las heredabilidades en sentido amplio (H^2). Los resultados permiten concluir que existe una alta variación fenotípica intrapoblacional sin encontrarse diferencias estadísticamente significativas entre poblaciones. La varianza fenotípica intrapoblacional total mostró un porcentaje de contribución del componente genotípico que osciló entre el 25% y el 80% para los caracteres LV, AV, LS y LtS en tanto que el carácter NSV fue el que presentó el menor valor para este componente en ambas poblaciones (8% y 13%). En promedio las H^2 presentaron una magnitud mayor en la población de Santa Ana, sin embargo para el carácter NSV este valor fue casi doblemente superior en Candelaria.

GPE 16

MAPEO DE QTL PARA ACLIMATACIÓN EN LARVAS DE *DROSOPHILA MELANOGASTER*

Sambucetti P. D., A. C. Scannapieco, F. M. Norry
Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y naturales, Universidad de Buenos Aires.
pablosambucetti@ege.fcen.uba.ar

En insectos, la resistencia al calor es de suma importancia especialmente en los estadios de movilidad reducida como el larval. La aclimatación al calor (incremento en la termotolerancia que resulta de previas exposiciones a niveles subletales de estrés por calor) es una forma de plasticidad fenotípica

importante para el desarrollo y la supervivencia de estos organismos en poblaciones que experimentan altas temperaturas. El objetivo del presente trabajo fue evaluar si existen QTL (loci de carácter cuantitativo) para la aclimatación en larvas de *D. melanogaster*. Se utilizaron 32 líneas recombinantes endocriadas (RIL) obtenidas a partir de 2 líneas altamente divergentes para la resistencia al calor. Estas RIL fueron tipificadas con 35 microsátelites. Se midió la sobrevivencia al golpe de calor (3 horas a 33°C en el tercer estadio larval) con y sin un pre-tratamiento térmico. El pre-tratamiento consistió en exponer a las larvas 3 horas a 29°C durante los 2 primeros estadios larvales. La aclimatación se estimó como el cociente entre la sobrevivencia en larvas pre-tratadas y larvas no tratadas. Se realizó un mapeo del intervalo compuesto implementado con QTL cartographer. El tratamiento de aclimatación aumentó exitosamente la sobrevivencia al golpe de calor en la mayoría de las RIL. Se identificaron 2 QTLs, uno localizado en el cromosoma 2 (entre las bandas citológicas 21C–26A) y otro en el cromosoma 3 (entre las bandas 97F–99D). Entre los genes candidatos más relevantes para la adaptación térmica y que mapean dentro de las regiones de QTL detectadas se encuentra la *heat-shock protein Hsp60C*.

GPE 17

MAPEO QTL PARA LA SOBREVIVENCIA A LA RESTRICCIÓN DIETARIA EN LARVAS DE *DROSOPHILA MELANOGASTER*

Defays R., C. I. Bertoli, A. C. Scannapieco, P. Sambucetti, F. M. Norry

Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.
raqueldefays@ege.fcen.uba.ar

En los ambientes naturales los organismos soportan usualmente condiciones de estrés por falta de alimento, por lo que la resistencia a la restricción dietaria resulta ser un carácter de importancia ecológica. Nuestro objetivo fue explorar la base genética de

la sobrevida a la restricción dietaria en larvas de *Drosophila melanogaster*, mediante la utilización de líneas recombinantes endogámicas (RIL) para mapeo de QTL (Quantitative Trait Loci). Se utilizaron líneas RIL que derivan de ambas retrocruzas recíprocas entre dos líneas obtenidas por selección artificial sobre la resistencia al estrés por alta temperatura. Se dispone de un mapa genético para dichas RIL que se basa en 35 microsatélites equidistantemente espaciados. En cada RIL se midió la sobrevida a la restricción dietaria en larvas. Se sembraron 20 larvas del primer estadio por cada tubo, 12 tubos por RIL, 6 con medio control (levadura, harina de maíz, azúcar y agar) y 6 con medio diluido. La sobrevida se estimó como el cociente entre el número de pupas en tubos con medio diluido sobre el número de pupas en tubos control. Los resultados indicaron la presencia de 1 QTL en el brazo derecho del cromosoma 2. Incluye la región donde mapean los genes candidatos *Acox57D-d*, *Acox57D* y *acil-Coenzima A oxidasa* que están involucrados en el metabolismo de ácidos grasos, proteínas, azúcares y lípidos.

GPE 18

VARIABILIDAD GENÉTICA Y RELACIONES FILOGENÉTICAS ENTRE *TRITOMA INFESTANS* SILVESTRES DE ARGENTINA Y BOLIVIA

Piccinali R. V.,¹ L. A. Ceballos,¹ F. Noireau,² U. Kitron,³ R. E. Gürtler¹

¹ Laboratorio de Eco-epidemiología, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA. rpicci@ege.fcen.uba.ar

² Institut de Recherche pour le Développement, Montpellier, Francia.

³ Emory University, Department of Environmental Studies, Math and Science Center, Atlanta, Georgia, USA.

Triatoma infestans es el principal vector de *Trypanosoma cruzi*, un protozoo flagelado responsable de la enfermedad de Chagas en Argentina y otros países sudamericanos. Estudios recientes sugieren que, pese a ser una es-

pecie peridoméstica, *T. infestans* posee focos silvestres en Bolivia y en Argentina. Estas poblaciones poseen importancia epidemiológica ya que podrían funcionar como fuentes de reinfestación tras el rociado de las casas y estructuras peridomiciliarias con insecticidas de acción residual. En este trabajo se secuenció el gen mitocondrial COI y la región nuclear ITS-1 en individuos de un foco silvestre de Chaco, Argentina y otro de Cochabamba, Bolivia y se analizó la variabilidad genética mediante distintos estimadores y las relaciones filogenéticas mediante el método de máxima parsimonia. El análisis comparativo de la variabilidad nucleotídica y haplotípica mostró que, para ambos marcadores genéticos, la población silvestre de Argentina resultó ser la más variable. El análisis filogenético mostró cuatro árboles igualmente parsimoniosos. Todas las topologías indicaron que hay haplotipos argentinos que divergen tempranamente, separándose de los dos clados principales que nuclea, por un lado a todas las variantes bolivianas y por el otro, al resto de las variantes argentinas. Estos resultados sugieren que los focos silvestres de Argentina y Bolivia están completamente diferenciados y que los insectos silvestres de Argentina podrían pertenecer a una población más antigua que la de Bolivia, cuestionando la hipótesis tradicional que los valles andinos de este país son el área de origen y diversificación de la especie.

GPE 19

VARIABILIDAD GENÉTICA ENTRE POBLACIONES DE VICUÑAS (*VICUGNA VICUGNA*) DEL NOA

Longo A. E., P. A. Valdecantos, D. C. Miceli

Instituto Superior de Investigaciones Biológicas, INSI-BIO, Tucumán. doramiceli@fbqf.unt.edu.ar

La vicuña es una especie silvestre que pertenece a la Familia *Camelidae* de la cual se aprovecha su fibra de excepcionales características. En Argentina encontramos dos sistemas de manejo de vicuñas: cautiverio y silvestría. Actualmente no se cuenta con estudios genéticos de las poblaciones de vicuñas

de Argentina que puedan ser utilizados como una herramienta en el diseño e implementación de estrategias y planes de manejo orientados a la conservación de la especie. Con el objetivo de determinar posibles diferencias entre dos poblaciones de vicuñas del noroeste argentino: una en cautiverio y otra en silvestría, se estudiaron 3 marcadores microsátélites descriptos para camélidos sudamericanos (CSA). Se analizaron 60 individuos provenientes de la población en cautiverio de INTA Abra Pampa (Jujuy) y 20 individuos de la población de vicuñas silvestres que se encuentra en la Reserva de la Biósfera Laguna Blanca, Catamarca. Con el marcador YWLL36 se encontraron 7 alelos, con un alelo privado en cada población. En el caso del marcador YWLL43, se describen 7 alelos, siendo 2 de ellos exclusivos de la población de Abra Pampa. Finalmente, se detectaron 7 alelos con el marcador LCA5, uno de ellos alelo privado de la población de vicuñas de Laguna Blanca. Los alelos compartidos entre las poblaciones estudiadas mostraron diferencias en sus frecuencias de distribución. Con estos resultados podemos sugerir que el desarrollo de programas de conservación y manejo de vicuñas deben estar acompañados de estudios genéticos como el del presente trabajo, incluyendo un número mayor de marcadores.

GPE 20

PLASTICIDAD FENOTÍPICA DE *HELIANTHUS ANNUUS* L. NATURALIZADO EN ARGENTINA

Presotto A.,^{1,2} I. Fernandez Moroni,¹ M. Fraysse,¹ M. Poverene,^{1,2} M. Cantamutto¹

¹ Dpto. de Agronomía, UN del Sur.

² CERZOS-CONICET. apresotto@uns.edu.ar.

Las poblaciones de *Helianthus annuus* naturalizadas en Argentina se diferencian entre sí por rasgos morfológicos que podrían estar ambientalmente determinados. Para estimar la plasticidad fenotípica de este germoplasma se evaluaron 21 parámetros morfológicos en plantas (n=341) de cinco poblaciones silvestres, sus cruzas con la línea

HA89 y el híbrido comercial DK4000 bajo dos condiciones; riego satisfaciendo la demanda ambiental o sequía, aplicando la mitad de ese requerimiento. Los datos se analizaron mediante ANOVA y tablas de contingencia. Cuatro caracteres cualitativos, incluyendo el tipo de ramificación y presencia de antocianas no se modificaron por el riego, pero diferenciaron los silvestres de sus cruzas y DK4000. La altura de planta y el número de capítulos de los silvestres se redujeron bajo sequía mientras que el diámetro del capítulo no fue afectado. Algunas accesiones silvestres disminuyeron el diámetro del tallo y tamaño de hoja por sequía. Nueve parámetros morfológicos fueron afectados por la sequía en DK4000 pero no en las cruzas HA89 x silvestre. La disminución de altura (24%), ancho (26%) y superficie foliar (45%) de una accesión silvestre fue marcadamente superior que la de DK4000 (12, 15 y 26%), destacada por mostrar elevada variación ambiental. La plasticidad fenotípica de las poblaciones silvestres y sus cruzas se expresó en la estructura de la planta pero no afectó rasgos morfológicos de interés taxonómico como el ancho y forma de la bráctea. Este trabajo confirmó la validez de los caracteres utilizados en la clasificación botánica del género, que se mantuvieron relativamente constantes ante variaciones ambientales.

GPE 21

ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO EN POBLACIONES NATURALES DE *TRITOMA INFESTANS* DE ARGENTINA MEDIANTE LA UTILIZACIÓN DE LOCI DE MICROSATÉLITES

Pérez de Rosas A. R.,¹ E. L. Segura,² B. A. García¹

¹ Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba. arperez@biomed.uncor.edu

² Instituto Nacional de Parasitología Dr. Mario Fatala Chabén, Buenos Aires.

Con el propósito de estudiar las relaciones genéticas entre poblaciones de *Triatoma infestans*, el principal vector de la enfermedad de Chagas en Sudamérica, se analizaron 836

insectos procedentes de 27 localidades de Argentina utilizando 10 loci de microsatélites. Se detectaron niveles de diferenciación genética significativos ($P=0,001$) entre las poblaciones mediante el estimador \hat{d} de F_{ST} . La correlación detectada entre el grado de diferenciación genética y la distancia geográfica ($r=0,49$, $P=0,0003$) sugirió un patrón de aislamiento por distancia. El método de agrupamiento de individuos implementado en el programa Structure reveló que las poblaciones de Catamarca, La Rioja, San Juan y oeste de Córdoba, prácticamente no compartieron ancestría con el resto. Probablemente estas poblaciones, pertenecientes a localidades cercanas a la región andina, se habrían establecido a partir de la línea de dispersión de *T. infestans* que habría ingresado a través de los Andes. Por otra parte, las poblaciones de Formosa, Chaco, Santiago del Estero y Santa Fe, compartieron distintos porcentajes de ancestría y presentaron menor grado de diferenciación genética entre ellas. Los resultados del análisis de detección de inmigrantes de primera generación implementado en el programa GeneClass2 indicaron que las localidades de las provincias de Santiago del Estero y Formosa resultaron ser el lugar de origen de la mayoría de los individuos identificados como inmigrantes en diferentes sectores del país. El movimiento migratorio ligado a las economías regionales y posiblemente asociado a la dispersión pasiva del insecto vector, habría posibilitado mantener un mayor intercambio genético entre las poblaciones de *T. infestans*.

mente incluyendo niveles elevados de radiación UV-B en el hemisferio sur. La radiación UV-C es particularmente dañina y es filtrada por la atmósfera sin prácticamente llegar a la superficie terrestre. En este trabajo exploramos la base genética de la resistencia a la UV-C. Se realizó un mapeo de QTL (loci de carácter cuantitativo) en el genoma de *Drosophila melanogaster* utilizando líneas recombinantes endogámicas (RIL), que derivan de cruzamientos entre una población del hemisferio norte y otra del hemisferio sur (donde los niveles de UV-B son más altos). El mapa genético de estas RILs fue previamente construido sobre la base de 35 microsatélites que cubren todos los cromosomas mayores de la especie. Los individuos experimentales fueron expuestos a UV-C permanentemente, registrando la longevidad. El análisis de los datos de la longevidad bajo estas condiciones extremas se implementó con el programa QTL-Cartographer mediante un mapeo de intervalo compuesto. Detectamos un único QTL para la tolerancia a la UV-C, que corresponde a la zona peri-centromérica del cromosoma 2. Este QTL colocaliza con un QTL de termotolerancia e incluye numerosos genes candidatos como ser *trap1*, *catsup* y *ddc*. El alelo del QTL que aumenta la tolerancia a UV-C es el mismo que proviene del hemisferio sur, que también aumenta la tolerancia al calor. Este QTL puede contener genes importantes para el monitoreo genético de la adaptación al escenario actual de calentamiento global y radiación UV.

GPE 22

QTL PARA TOLERANCIA A LA RADIACIÓN ULTRAVIOLETA EN *DROSOPHILA MELANOGASTER*

Gómez F. H., F. M. Norry

Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales-UBA. (1428) Buenos Aires.

fnorry@ege.fcen.uba.ar

Diversas agentes de estrés afectan la distribución, abundancia y evolución de los seres vivos en ambientes terrestres, probable-

GPE 23**BUSCANDO EL ANCESTRO AFRICANO DEL BOVINO CRIOLLO: ANÁLISIS DEL ADN MITOCONDRIAL DEL SUR DE AFRICA**

Giovambattista G.,¹ D. Hanotte,² J. P. Lirón,¹ S. Maciel,³ D. M. Posik,¹ A. Rogberg Muñoz,¹ M. V. Ripoli,¹ P. Peral García¹

¹ Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET) CCT La Plata – Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata – CONICET. Calle 60 y 118 s/n - La Plata, 1900, CC 296. ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

² International Livestock Research Institute (ILRI), P.O. Box 30709, Nairobi 00100, Kenya.

³ Agricultural Research Institute (IIAM), Animal Production Institute (IPA), P.O. Box 1410, Maputo, Mozambique.

Los bovinos fueron introducidos por primera vez al continente americano en el año 1493 expandiéndose desde las islas del Caribe hacia el resto del continente y originando a las diferentes razas criollas. En base a que se han detectado dos sub-haplogrupos mitocondriales africanos en los bovinos criollos, se han propuesto dos posibles rutas de ingreso: 1. a través de la península ibérica, y 2. siguiendo las rutas del comercio de esclavos. Con el objetivo de establecer si los barcos procedentes del sur de África con esclavos pudieron traer también bovinos, se caracterizó la variabilidad genética del ADN mitocondrial en 4 razas bovinas nativas de Mozambique y Sudáfrica. Se analizó el polimorfismo presente en un fragmento de 240 pb del D-loop en 59 animales mediante PCR-secuenciación directa. La diversidad genética se estimó mediante el número de haplotipos, el número de sitios polimórficos, el número de diferencias nucleotídicas tomadas de a pares y el índice de diversidad nucleotídica, mientras que el análisis filogenético se realizó mediante el programa Network 4.1.1.2. Dicho análisis permitió detectar entre nueve y catorce haplotipos por raza pertenecientes al haplogrupo africano T1, sub-haplogrupo T1*; no encontrándose el sub-haplogrupo T1a. Las secuencias detectadas presentaban un total de 18 sitios polimórficos y una di-

versidad nucleotídica entre 0,009 y 0,014, mientras que la diferencia media tomado de a pares medida resultó ser entre 2,283 y 3,276. En conclusión, los estudios realizados permiten demostrar que las poblaciones caracterizadas presenta un elevado nivel de diversidad genética mitocondrial, y que muchos de los haplotipos detectados son compartidos entre ellas. Sin embargo, la ausencia del sub-haplogrupo T1a característico de los criollos americanos no permite sostener la hipótesis del origen directo desde esa región de África.

GPE 24**ORIGEN DE NEOPOLIPOIDES EN POBLACIONES DIPLOIDES NATURALES DE *TURNERA SIDOIDES***

Kovalsky I. E.,¹ V. G. Solís Neffa^{1,2}

¹ Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE- CONICET). CC 209. 3400, Corrientes (Argentina). evelinkov@hotmail.com

² Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE).

Turnera sidoides ($x=7$) es un complejo poliploide con niveles de ploidía desde diploide hasta octoploide. Se ha sugerido que la unión de gametos no reducidos habría sido el principal mecanismo de origen de los poliploides del complejo, sin embargo se desconoce con qué frecuencia se producen eventos de poliploidización en las poblaciones actuales. A tal efecto, se investigó la presencia de poliploides en una población diploide. Se estimó el nivel de ploidía de 326 individuos por citometría de flujo, se analizó la frecuencia y distribución espacial de los citotipos hallados así como la de las plantas productoras de gametos $2n$. Además, se estimó el nivel de ploidía de embrión/endosperma de 228 semillas a fin de determinar el origen de los gametos $2n$. El 3.5 % de los embriones y el 1.03 % de las plantas adultas fueron triploides, sugiriendo que sólo algunos triploides sobreviven y logran establecerse en la población. El 75% de los gametos $2n$ involucrados en el origen de dichos triploides fueron de origen paterno, mientras que el 25% fueron de origen materno. Estos

resultados constituyen la primer evidencia de producción de gametos femeninos $2n$ en *T. soides*. La presencia de triploides en la población diploide sugiere que la poliploidización sexual unilateral constituiría un mecanismo de origen de neopoliploides en el complejo. Sin embargo, aunque no se han encontrado tetraploides en la población estudiada, el hecho de que los productores de gametos femeninos y masculinos $2n$ crecen próximos entre sí no descarta la probabilidad de ocurrencia de poliploidización sexual bilateral.

GPE 25

LA BASE GENÉTICA DE LA ACLIMATACIÓN EN EL ESTADIO ADULTO *DROSOPHILA MELANOGASTER*

Arias L. N., A. C. Scannapieco, P. Sambucetti, F. M. Norry

Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

leticiaarias@ege.fcen.uba.ar

El proceso de aclimatación a temperaturas extremas permite a los organismos aumentar sus niveles de termotolerancia. Este universal proceso resulta en parte de la expresión de las proteínas de la respuesta al calor (Hsps). Sin embargo, no está claro si los fenotipos de aclimatación son genéticamente variables o si simplemente representan la expresión de defensas de emergencia que no son funcionalmente variables. En este estudio exploramos si existen Quantitative Trait Loci (QTL) para la aclimatación en *Drosophila melanogaster*. El mapeo de QTL se realizó con líneas recombinantes endocriadas (RIL) obtenidas a partir de dos líneas parentales que difieren extremadamente para la termotolerancia en adultos. Se midió la sobrevivencia a un estrés letal por calor (35 min a 39°C) a los 4 días de edad en moscas de control y en moscas aclimatadas (4 hs a 32°C en las edades de 1, 2 y 3 días), en moscas que crecieron en condiciones de baja y alta densidad larvaria. Se realizó un mapeo del intervalo compuesto, implementado con

el programa QTL-Cartographer. El mapeo reveló un QTL que fue significativo solo en moscas aclimatadas que crecieron en alta densidad larvaria, solamente. Este QTL de aclimatación mapea en el brazo izquierdo del cromosoma 3, e incluye la región de las s-hsps (ej., hsp22, hsp26). Asimismo, se identificó otro QTL tanto en moscas aclimatadas como no aclimatadas. Los resultados indican que la aclimatación es un proceso genéticamente variable y que su expresión depende de la densidad larvaria durante el desarrollo.

GPE 26

VARIACIÓN FENOTÍPICA EN *DICHRPLUS ELONGATUS*: EVIDENCIAS DE SELECCIÓN NATURAL Y DERIVA GENÉTICA

Rosetti M. E. N., M. I. Remis

Laboratorio de Genética de Poblaciones, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. deedeemolesta@yahoo.com.ar

Dichroplus elongatus es un acrídido de amplia distribución en América del Sur. Esta especie ha sido sujeta a numerosos estudios citogenéticos debido a la incidencia de polimorfismos para cromosomas y segmentos supernumerarios. Se analizó la variación morfométrica y su posible vinculación con variables geográficas y climáticas en nueve poblaciones de la especie de la provincia biogeográfica Pampeana. Se midieron cinco rasgos morfométricos (longitud total, 3° fémur, 3° tibia, tórax y tegmen). Para analizar la importancia de los procesos evolutivos en los patrones morfométricos se comparó la diferenciación fenotípica con la variación en marcadores moleculares neutros. Las diferencias fenotípicas entre poblaciones se estimaron a través de las diferencias en los valores medios de cada rasgo y del porcentaje medio de las diferencias entre las matrices de varianza-covarianza fenotípicas (T%) (Roff y Mousseau 2005). Las distancias genéticas de Nei se estimaron a través del estudio de marcadores minisatélites DAMD. Se observó una considerable variación morfométrica entre las poblaciones y esa variación

esta correlacionada negativamente con la latitud ($p=0.01$) y positivamente con la temperatura máxima ($p=0.01$ para los cinco rasgos) sugiriendo el significado adaptativo de la misma. La variación en las matrices de varianza-covarianza fenotípicas (T%) se correlaciona con la variación genética ($P<0.01$). No se demuestra correlación entre la diferencia de valores medios y las distancias genéticas ($P>0.05$ en las cinco rasgos). Los resultados demuestran que la selección contribuye a la diferenciación fenotípica entre poblaciones modelando las diferencias en los valores medios mientras que la deriva genética sería la responsable de las diferencias en la matriz de varianzas-covarianzas fenotípicas.

GPE 27

LETALES EQUILIBRADOS EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE RATONES

Oyarzabal M. I.,¹ J. C. Salerno²

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, CIC, UNR.
moyarzab@unr.edu.ar

² Instituto de Genética "E A Favret", INTA, Castelar.

El acortamiento de la cola en el ratón se atribuye a la presencia de un gen dominante "brachyury" (T) que en homocigosis es letal. Este gen puede constituir un sistema de letales equilibrados con otro gen recesivo "tailless" (t), también letal en homocigosis. En los individuos fundadores y durante 60 generaciones se observaron ratones con cola corta, en muy baja frecuencia ($<0,01$), en una población testigo de la cepa CF1 y en dos pares de líneas de selección divergente para peso originadas de la anterior, todas endocriadas por limitación del número. Se realizaron cruzamientos entre ratones de cola normal (cn) y de cola corta (cc), sus recíprocos y entre ambos fenotipos entre sí para probar estos efectos. Los descendientes de ccxc segregaron 3cn:1cc o todos cn; los de cnxc fueron cn con una frecuencia mayor al 98%; los de ccxcn fueron todos cn o segregaron en distintas frecuencias en cc y cn; y los de cnxcn tuvieron descendientes con cc. La variedad de los resultados obtenidos eviden-

cian la presencia de recombinaciones por la acción de letales equilibrados en acoplamiento, de efectos maternos y de los letales mencionados en repulsión que distorsionan las frecuencias mendelianas. El mantenimiento de estos genes en todas las líneas constituye una prueba más de la conservación de variabilidad genética a pesar de los procesos de selección y endocria practicados, que se suma a la evidenciada en la respuesta a la selección de peso y en la modificación de otros caracteres relacionados con la aptitud biológica.

GPE 28

FILOGEOGRAFIA COMPARADA DE DOS ESPECIES DE GORGOJOS PLAGA CON DISTINTOS MODOS DE REPRODUCCION

Guzmán N. V.,¹ M. S. Rodríguez,¹ A. A. Lanteri,² V.A. Confalonieri¹

¹ Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Fac. Cs. Exactas y Naturales, UBA, Ciudad Universitaria, 1428 Buenos Aires, Argentina.
nguzman@ege.fcen.uba.ar

² Departamento Científico de Entomología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, 1900 La Plata, Argentina.

Naupactus xanthographus y *Naupactus leucoloma* (Coleoptera: Curculionidae) son dos especies de gorgojos plaga originarios de Sudamérica. *Naupactus xanthographus* es bisexual, se distribuye en el centro de Argentina, sur de Brasil, Paraguay y Uruguay, y fue introducida en Chile. *Naupactus leucoloma* presentaría partenogénesis infecciosa, se distribuye en Argentina (desde Formosa y Jujuy hasta Chubut), sur de Brasil y Uruguay, y fue introducida en Chile, México, Sudáfrica, Australia y Nueva Zelanda. Se realizó un estudio de filogeografía comparada en relación a cada modalidad de reproducción. Se estudió el gen mitocondrial COI en 71 individuos de *N. leucoloma* y 90 individuos de *N. xanthographus* procedentes de distintas provincias de Argentina y algunos países donde han sido introducidas. En *N. leucoloma* se encontraron sólo hembras y cuatro haplotipos, estando presente uno de ellos en

el 83% de los individuos analizados. *Nau-pactus xantographus* presentó nueve haplotipos cuya genealogía y distribución geográfica permite inferir que el centro de dispersión de la especie se encontraría al norte de Buenos Aires. Se concluye que ambas especies han sido exitosas en la colonización de nuevos ambientes, aunque siguiendo diferentes estrategias. *N. xanthographus*, con reproducción bisexual y mayor variabilidad genética, se ha dispersado en diferentes direcciones con numerosos haplotipos, en un área geográfica restringida. En tanto que, *N. leucoloma*, con menor variabilidad genética ha logrado expandir mucho más su área de distribución geográfica. La infección bacteriana causante de la partenogénesis habría provocado un cuello de botella, de modo que unos pocos haplotipos exitosos llegaron a colonizar diversas regiones del mundo.

GPE 29

ESTUDIOS DE HEREDABILIDAD DE RASGOS MORFOMÉTRICOS EN *CAIMAN LATIROSTRIS* (YACARÉ OVERO)

Amavet P. S.,¹ J. C. Vilardi,² B. O. Saidman²

¹ Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Pcia. de Santa Fe.

pamavet@fhuc.unl.edu.ar.

² Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

Caiman latirostris (yacaré overo) es una especie de gran interés económico cuyas poblaciones, décadas atrás, fueron reducidas numéricamente debido a sobrecaptura e intensas modificaciones de su hábitat. Actualmente esta especie es objeto de manejo mediante programas de monitoreo y autorre poblamiento en varias provincias argentinas. En este trabajo se estudió la variación fenotípica y la heredabilidad de once rasgos cuantitativos de interés económico en 4 poblaciones de la provincia de Santa Fe. De cada población se seleccionaron al azar cuatro nidos y de cada uno de ellos se tomaron 10 pichones al azar. Cada pichón fue medido

dentro de las 48 horas desde la eclosión considerando 11 rasgos morfológicos cuantitativos representativos de tamaño corporal y forma. Se calcularon los componentes de varianza en cada población entre nidos y dentro de nidos por máxima verosimilitud. Se estimaron valores de heredabilidad en sentido estricto (h^2) asumiendo un diseño de hermanos enteros. Las h^2 estimadas resultaron significativas en la mayoría de los casos. Los valores más altos correspondieron a largo total, largo desde el hocico hasta la cloaca, ancho craneal y masa corporal (peso). Estos resultados sugieren que las poblaciones tendrían una variación genética significativa para los loci determinantes de los caracteres morfológicos medidos, de modo que podrían responder efectivamente a programas de selección direccional dentro de los planes de manejo implementados en esta especie.

Comunicaciones libres: Genética molecular humana

GMH 1

GENOTIPIFICACIÓN DE MICROSATÉLITES MONONUCLEOTÍDICOS EN POBLACIÓN ARGENTINA NORMAL

Fundia A. F.,¹ M. de Dios Soler,² I. Larripa¹

¹ Depto. de Genética.

affundia@hematologia.anm.edu.ar

² Depto. de Patología, IHema, Academia Nacional de Medicina de Buenos Aires.

Los microsatélites mononucleotídicos BAT25 y BAT26 son secuencias repetitivas poco polimórficas en la población normal pero son inestables y presentan alelos de menor longitud en tumores con inestabilidad de microsatélites (MSI) y fenotipo mutador (RER+). La MSI se define por cambios de longitud del microsatélite del tejido tumoral respecto del normal. BAT25 (T₂₅) está ubicado en el intrón 16 del encogen c-kit (7q) y BAT26 (A₂₆) en el intrón 5 del gen MSH2 (2p). Ambos se consideran marcadores sensibles y específicos para diagnosticar MSI usando solo el tejido tumoral. Se han reportado variantes alélicas normales con menor número de repeticiones en algunos grupos étnicos. En este estudio se realizó la genotipificación de BAT25 y BAT26 en sangre periférica de 50 individuos sanos a fin de determinar los perfiles alélicos en nuestra población. La amplificación se realizó en 25ml con 1,5mM MgCl₂, 100mM dNTPs, 0,3/0,4mM de cada primer, 1U de Taq polimerasa y 200ng de ADN genómico. La temperatura de *annealing* fue 48°C para BAT25 y 55°C para BAT26. Se efectuaron geles de poliacrilamida no desnaturalizante (15%) con nitrato de plata (0.1%). No se identificaron alelos de menor tamaño en el grupo estudiado, encontrando diferencias mínimas que oscilaron para BAT25 entre -1pb a +2 pb y para BAT26 entre -1pb a 0 pb. La ausencia de variantes alélicas confirma la naturaleza monomórfica de estos marcadores

en la población Argentina, concluyendo que ambos microsatélites son indudablemente útiles para determinar MSI en el ADN tumoral de pacientes con cáncer.

GMH 2

DETERMINACIÓN DE LAS FRECUENCIAS GENOTÍPICAS Y ALÉLICAS DE LA APOLIPOPROTEÍNA E (APO E) EN MUESTRA DE POBLACIÓN ARGENTINA

Kahan M. A., A. R. Cajal, M. A. Redal, P. F. Argibay

Unidad de Medicina Molecular y Genómica, Instituto de Ciencias Básicas y Medicina Experimental. Hospital Italiano de Buenos Aires.

maria.redal@hospitalitaliano.org.ar

Introducción: El polimorfismo del gen APOE está implicado en varias patologías neurodegenerativas como la Enfermedad de Alzheimer (EA). Este gen codifica para una apolipoproteína plasmática involucrada en el metabolismo de lípidos y posee 3 alelos: ε2, ε3 y ε4. Individuos portadores de ε4 tienen más riesgo de padecer EA.

Objetivo: Determinar y comparar con otras poblaciones, las frecuencias alélicas y genotípicas del gen APOE de una muestra de población Argentina para su posterior aplicación en el diagnóstico de Alzheimer tardío.

Materiales y métodos: Se analizaron 206 muestras de ADN obtenidas de sangre periférica de donantes no relacionados (58.7% mujeres, 42.3% hombres - edad X: 45.5). Se amplificó y genotipificó por PCR-RFLP (HhaI) un fragmento de 244 pb del exón 4 de APOE. Los fragmentos de restricción se resolvieron en geles de poliacrilamida.

Resultados: La frecuencias génicas fueron: E3/E3=0,64; E3/E4=0.199; E2/E3=0,1214; E4/E4=0,291; E2/E4=0.097y E2/E2=0. Las frecuencias alélicas E4=0.13, E3=0.80 y E2=0.07, con proporciones H-W. Se observó además, una muestra con un pa-

trón de restricción de HhaI inusual, la cual luego de ser secuenciada, evidenció una mutación *missense* en heterocigosis (R136S), previamente reportada en otras poblaciones.

Conclusiones: Las frecuencias obtenidas no presentan diferencias significativas con las publicadas para poblaciones caucásicas. Además, se detectó una mutación *missense* no reportada en series locales, asociada a aterosclerosis temprana e hiperlipidemia.

La genotipificación de ApoE permite evaluar el riesgo de EA de manera precoz. La metodología PCR-RFLP permitiría además identificar mutaciones raras, las cuales podrían tener valor predictivo.

GMH 3

PREVALENCIA DE MUTACIONES NONSENSE EN PACIENTES CON PROTOPORFIRIA ERITROPOYÉTICA

Colombo F. P.,^{1,2} J. E. Martinez,^{1,2} M. V. Rossetti,^{1,2} A. Batlle,¹ V. E. Parera^{1,2}

¹ Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP) CONICET, Hospital de Clínicas-UBA.

² Departamento de Química Biológica, FCEyN-UBA. Vicky@qb.fcen.uba.ar

La protoporfiria eritropoyética (PPE) es un desorden hereditario de la biosíntesis del Hemo, causado por una deficiencia parcial de la enzima Ferroquelatasa codificada por el gen FECH. Presenta herencia autosómica dominante con penetrancia incompleta. El 95% de los pacientes heredan un alelo mutado junto a uno de baja expresión producto de variaciones genómicas que contribuyen a la manifestación clínica de la enfermedad.

Nuestro objetivo fue estudiar variantes genómicas causantes de PPE en familias recientemente diagnosticadas bioquímicamente, determinar el tipo de mutación y analizar los polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) del gen FECH asociados a éstas y su prevalencia en la población.

Se buscaron mutaciones y analizaron SNPs por secuenciación automática y/o digestión con endonucleasas específicas. Los productos de amplificación y digestión se revelaron en gel de agarosa 1% y 3% respecti-

vamente. El análisis de los SNPs se llevó a cabo en 24 pacientes y 100 voluntarios sanos.

Se logró identificar una nueva mutación nonsense en el exón 6: pY209X asociada en trans al alelo de baja expresión GTC (-251 G, IVS1-23 T, IVS3-48 C).

Este hallazgo refuerza anteriores observaciones donde heterogeneidad de mutaciones del gen FECH y alta prevalencia del haplotipo GTC (superior al 95% en pacientes respecto a un máximo de 6% en individuos sanos) son características de los pacientes con PPE en Argentina.

Este resultado permitió determinar la prevalencia de mutaciones de sustitución de nucleótido simple en región codificante del tipo nonsense en pacientes Argentinos, siendo estas 1 de cada 3 mutaciones descriptas en nuestro país.

GMH 4

ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE (SNP'S) EN PACIENTES CON PORFIRIA VARIEGATA

Granata B. X.,^{1,2} V. E. Parera,^{1,2} A. Batlle,¹ M. V. Rossetti^{1,2}

¹ Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP) CONICET, Hospital de Clínicas-UBA.

² Departamento de Química Biológica, FCEyN-UBA. rossetti@qb.fcen.uba.ar

La protoporfirinógeno oxidasa cataliza el octavo paso del camino del hemo y su deficiencia produce Porfiria Variegata (PV). El estudio genético de 31 familias PV Argentinas reveló la presencia de la mutación c.1043insT en 13 de ellas (42%). Con el objetivo de estudiar si esta elevada prevalencia se debe o no a un efecto fundador se analizaron 7 SNPs intragénicos por secuenciación directa, dividiendo a los pacientes en 3 grupos: con la mutación más común (n=15), con otras mutaciones (n=24) e individuos normales (n=20). Las frecuencias alélicas en el grupo control se ajustan al equilibrio de Hardy-Weinberg. Los SNPs -247 A>C, -128 C>G e IVS2-47 G>C son los más variables existiendo diferencias significativas entre los grupos en los tres casos (p = 0.0037, p = 0.0398 y p =

0.0248 respectivamente), indicando que, para estos tres SNPs, el alelo representado en mayor proporción en el grupo de pacientes con la inserción estaría asociado al alelo portador de dicha mutación. El 100% de los pacientes con la mutación más común comparten el alelo C⁻²⁴⁷ - G⁻²⁴⁶ - G⁻²⁴⁰ - G⁻¹⁵¹ - C⁻¹²⁸ - C^{IVS2-47} - C^{IVS5-86}, mientras que los pacientes con otras mutaciones y los controles presentan este alelo en un 79.16% y 75% de los casos, respectivamente. Estos resultados no nos permitirían inferir con seguridad la ocurrencia de un efecto fundador. Sin embargo esta hipótesis no se puede descartar completamente dado que, debido a la escasa disponibilidad de familiares, no se pudo analizar la segregación de alelos.

GMH 5

ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL PROMOTOR TNF-ALFA EN UNA MUESTRA DE MUJERES URBANAS DE LA CIUDAD DE POSADAS (MISIONES, ARGENTINA)

Stietz M. S.,¹ I. Badano,¹ I. M. Quintero,¹ M. E. D. Cabrera,¹ T. G. Schurr,² M. A. Picconi,³ R. H. Campos,⁴ D. J. Liotta¹

¹ Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Universidad Nacional de Misiones.

inesbadano@yahoo.com.ar

² Department of Anthropology, University of Pennsylvania.

³ Servicio de Virus Oncogénicos, Departamento Virología, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", Bs. As.

⁴ Catedra de Virología, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires.

El Factor de Necrosis Tumoral alfa (TNF- α) es una citoquina pro-inflamatoria involucrada en la resolución de infecciones por patógenos. A nivel genético, se han descrito SNPs en el promotor del gen. El estudio de la distribución de estos de polimorfismos en diferentes poblaciones ha presentado evidencias de: 1-Desequilibrio de ligamiento con genes HLA vecinos; 2-Algunos SNPs con capacidad de modular los niveles de transcripción, 3-Una distribución poblacional característica.

El objetivo del presente estudio fue aportar al conocimiento de la distribución de 4

SNPs (-375; -307; -243 y -237) de importancia clínico-poblacional en una muestra de mujeres de la ciudad de Posadas, Misiones.

Métodos: Se analizaron 79 muestras de ADN total. Los SNPs se identificaron mediante PCR/secuenciación. Se determinaron las frecuencias alélicas, genotípicas y se evaluó el Equilibrio Hardy-Weinberg (E-HW).

Resultados: Los sitios -375 y -243 resultaron monomórficos para el alelo frecuente G. Los SNPs -307A y -237A presentaron frecuencias alélicas de 0,06 y 0,03 (respectivamente). Las frecuencias genotípicas fueron (i) SNPs-307: 89% G/G y 11% A/G; (ii) SNPs-237: 95% G/G y 5% A/G. No se encontraron Homocigotos para el alelo A. Las frecuencias estaban en E-HW.

Conclusión: Dado el importante rol del TNF- α en la respuesta inmune primaria, numerosos estudios epidemiológicos han intentado relacionar su distribución de frecuencias con la incidencia y severidad de algunas enfermedades infecciosas, autoinmunes y el cáncer. En este sentido estos resultados podrían contribuir en la caracterización de un marcador genético de importancia clínico-poblacional en la región. Financiamiento: ISID; ANPCyT- PICT Red 311; CEDIT.

GMH 6

PREVALENCIA DE INFECCION POR VIRUS PAPILOMA HUMANO (HPV) DE ALTO RIESGO EN MUJERES CON CITO DIAGNOSTICO DE LESIONES CERVICALES DE BAJO GRADO (L-SIL) DE LA CIUDAD DE POSADAS, MISIONES

Collado M. S., I. Badano, C. P. Buemo, D. J. Liotta
Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Universidad Nacional de Misiones. javierliotta@yahoo.com.ar

Introducción: La infección persistente del cuello de útero por tipos oncogénicos de Virus Papiloma Humano (HPV) (denominados de "alto riesgo" -HPV-HR-) da lugar a lesiones intra-epiteliales (L-SIL) que pueden progresar a la malignidad. Estas lesiones pueden ser detectadas mediante Papanicolaou (Pap), sin embargo este test posee una sensibilidad y especificidad altamente dependiente del

operador. La detección de HPV por la técnica de PCR brinda un diagnóstico basado en un criterio objetivo (presencia/ausencia del virus), complementando al Pap.

Objetivos: Complementar el diagnóstico de Pap L-SIL con la detección de HPV-HR al efecto de optimizar el criterio de seguimiento de grupos de riesgo.

Materiales y métodos: Población de estudio: mujeres asistentes a consultas ginecológicas de la ciudad de Posadas (periodo 2007-2009). Muestra Biológica: ADN total extraído de células exo-endocervicales descamadas. El diagnóstico de HPV se realizó por PCR (según Bernard *et al.*, 1994). Se requirió el consentimiento de las mujeres participantes.

Resultados: Se analizaron un total de 73 muestras con diagnóstico de L-SIL. Los resultados arrojaron un 64% de mujeres positivas para HPV, de las cuales 21% presentaron infecciones mixtas. Los HPV-HR detectados fueron: HPV58 (19%), HPV16 (17%), HPV18 (12%), y con menos de 10% (HPV31, 52, 45, 56, 33, 53, 59, 39).

Conclusión: La infección por HPV-HR es una condición necesaria para la progresión de las lesiones cervicales. La presencia de tipos virales oncogénicos ofrece al profesional tratante un elemento de valor pronóstico en determinadas situaciones y permite adoptar una estrategia de seguimiento activo en población de mayor riesgo.

GMH 7

NUEVO PROCEDIMIENTO PARA GENOTIPIFICAR UN SNP (SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM): TETRA-PRIMERS ARMS-PCR

Olmos Nicotra M. F.,¹ I. I. González,¹ S. E. Siewert,¹ S. Filipuzzi,² M. S. Ojeda¹

¹ Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis.

msojeda@unsl.edu.ar

² Hospital Provincial de Santa Rosa, San Luis.

Introducción: Los polimorfismos de nucleótido simple (SNP) son útiles como marcadores moleculares en genética de poblaciones y para mapear genes de susceptibilidad de

enfermedades complejas. El objetivo de este estudio fue optimizar el método de Tetra primer ARMS-PCR para la detección de los genotipos del SNP de PPAR gamma 2. **Materiales y Métodos:** El ADN fue extraído de sangre periférica. Se realizó el diseño de los primers para el gen PPAR γ 2 (ACCESSION NC_000003) y el SNP (rs1801282). El método emplea cuatro primers: dos externos no alelo específicos y dos primers internos alelo específicos (el mutante G y el silvestre C). Se utilizó el programa http://cedar.genetics.soton.ac.uk/public_html/primer1.html, para el diseño de primers. La PCR realizó con una relación 1/10 entre primers externos e internos. Se consideró la genotipificación validada cuando se observaron las correspondientes bandas alélicas de acuerdo a la predicción de los tamaños esperados. **Resultados:** Con este método se logró optimizar la genotipificación de: G/G, C/G y C/C, dado que este método permite el diseño de primers que generen fragmentos de tamaño convenientes. **Conclusiones:** Por lo que sabemos, no hay información alguna sobre el uso de esta metodología en nuestro medio. Con ésta técnica, hemos podido genotipificar con éxito el SNP de PPAR γ 2, siendo un método simple y económico que consiste en una simple reacción de PCR seguida de una electroforesis, lo cual permitiría que sea implementada en laboratorios que poseen el instrumental básico para realizar estudios moleculares. Este método puede ser aplicado en la genotipificación de diversos SNPs.

GMH 8

PREVALENCIA DEL SNP METILENTETRAHIDROFÓLICO REDUCTASA (MTHFR) C677T EN MUESTRAS CONTROL Y CON CÁNCER DE MAMA

Tiscornia M. M., M. E. Rojas, M. A. Lorenzati, P. D. Zapata

Laboratorio de Biotecnología Molecular. FCEQyN - UNaM. Posadas. Misiones.

bcmb@fceqyn.unam.edu.ar

En Argentina, la tasa de mortalidad estandarizada por edad en carcinoma mamario es 25 por 100.000 (OMS, 2005). La epi-

demología molecular incluye el estudio de biomarcadores, como SNPs, relacionados con la susceptibilidad al desarrollo de diversos procesos patológicos como cáncer. Se conocen polimorfismos metabólicos relacionados con el desarrollo de neoplasias, entre ellos encontramos los de las enzimas del metabolismo del folato. Trabajos anteriores indican una posible asociación del SNP MTHFR C677T y cáncer de mama. En este trabajo se analizó la prevalencia del SNP MTHFR C677T en muestras controles y con carcinoma mamario.

Se utilizaron 30 muestras de sangre negativas para cáncer y 14 biopsias frescas positivas para carcinoma. De los controles se extrajo DNA mediante el método *salting-out* modificado y de los carcinomas con una modificación del mismo, agregando solventes orgánicos. El SNP C677T se detectó mediante PCR-RFLP utilizando los cebadores S:5'-TGAAGGAGAAGGTGTCTGCGGGA-3'; AS:5'-AGGACGGTGCGGTGAG AGTG-3' y una Tm de 58°C. La digestión se realizó con *HinfI*. Las frecuencias génicas encontradas en los controles fueron 0,92 y 0,08, para el alelo C y T, respectivamente; y las genotípicas 0,87; 0,1 y 0,03 para CC, CT y TT, respectivamente. Para las muestras tumorales, se encontraron los mismos valores de frecuencias génicas y genotípicas, 0,93 para CC y el alelo C; y 0,07 para TT y el alelo T.

Se concluye que no existen diferencias significativas entre las muestras control y las tumorales, sugiriéndose una nueva investigación con un mayor número de muestras.

GMH 9

ESTUDIO DEL POLIMORFISMO *TaqIB* EN FAMILIARES DE PRIMER GRADO DE PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2 CON Y SIN SINDROME METABÓLICO

Della Vedova M. C.,¹ I. I. González,¹ S. E. Siewert,¹ S. Filipuzzi,² M. S. Ojeda¹

¹ Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis.

msojeda@unsl.edu.ar

² Hospital Provincial de Santa Rosa, San Luis.

El síndrome metabólico (SM) es una patología asociada a resistencia a la insulina con aumento de grasa abdominal, representando un alto riesgo a desarrollar Diabetes Mellitus Tipo 2 (DMT2), enfermedad caracterizada por aumento de TG y disminución de HDLc. La Cholesteryl Ester Transfer Protein (CETP) juega un rol importante en el metabolismo de las partículas HDL, catalizando la transferencia de los esteres de colesterol por TG. La deficiencia genética de CETP se asocia con altos niveles de HDLc.

Objetivo: Relacionar niveles de HDLc, HOMA-IR y HOMA-βCell según el genotipo de la proteína CETP, entre familiares de primer grado de pacientes con DMT2 con y sin SM.

Materiales y Métodos: Se estudiaron 40 individuos. Se calculó IMC, HOMA-IR y HOMA-βcell. Se determinaron los siguientes parámetros: glucemia, insulinemia, TG, colesterol total, HDL-c, LDL-c. Se definió SM de acuerdo a criterios de IDF (2005). Se analizó el polimorfismo de CETP mediante PCR-RFLP.

Resultados: Las frecuencias alélicas se encontraron en equilibrio de Hardy-Weinberg. No se observaron diferencias significativas entre el SNP y SM para ninguno de los genotipos (B1B1, B1B2, B2B2). Los sujetos con genotipo B2B2 mostraron mayores niveles de HDL-c ($p < 0.006$), menor HOMA-IR ($p < 0.01$) y mayor HOMA-βCell ($p < 0.01$) respecto a los otros genotipos. El análisis estadístico no mostró diferencias significativas en los demás parámetros analizados.

Conclusiones: Nuestros resultados, aunque preliminares, indicarían que el polimor-

fismo TaqIB del gen CETP podría ser un factor independiente con respecto al SM y que el genotipo B2B2 tendría un papel protector sobre la enfermedad cardiovascular.

GMH 10

ESTUDIO DE LOS SNPS DE *SSTR2*, A-167G CON PCR, Y DEL T80C CON HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS, EN CARCINOMAS PROSTÁTICO Y MAMARIO

Tiscornia M. M.,¹ M. A. Riera,¹ B. J. Chaneton,¹ M. J. Caldez,¹ L. Fagnoli,¹ M. A. Lorenzati,¹ P. D. Zapata¹

Laboratorio de Biotecnología Molecular. FCEQyN - UNaM. Posadas. Misiones. (PICTO UNaM 37029) bcmb@fceqyn.unam.edu.ar

En Argentina, los carcinomas prostático y mamario tienen una tasa de mortalidad estandarizada por edad de 25/100.000 (OMS, 2005). Recientemente, se describió una disminución de *SSTR2* para estadios avanzados de cáncer protático. En cáncer mamario, se observó una inhibición del tumor luego de aplicar somatostatina y análogos. La susceptibilidad al desarrollo de patologías como cáncer utiliza biomarcadores (SNP) incluidos en epidemiología molecular. En este trabajo analizamos la estructura genómica y proteica de *SSTR2*, para predecir cómo afectarían su expresión, los SNPs A-167G y T80C.

Para analizar la estructura proteica del *SSTR2* T80C se utilizaron la secuencia NP_001041.1 (*GeneBank*), y programas disponibles en el servidor *ExpASy*. Para estudiar el SNP A-167G utilizamos los cebadores F:GTCAACTTCTTAGGGGTCAAA y R:CCCAATGATGCAGACCACAAA, y la secuencia NT_010641.15 analizados con *Primer3*, amplificando muestras de sangre y biopsias frescas de ambos carcinomas. El *Blastp* (NCBI) arrojó un *score* de 110 (276) con ADRB2 (2r4r), que permitió inferir el efecto del T80C en la estructura tridimensional encontrándose una sustitución en Ser27 (hidrofílica) por Leu (hidrofóbica) en el primer dominio extracelular. Con *GORIV* no encontramos cambios en la predicción de la estructura secundaria tras la sustitución con

Leu. Para estudiar el efecto tridimensional utilizamos *SIFT* encontrándose un *score* de homología de 0,41; mientras que, con *snps3d* un *svm score* de 2.22. Se estandarizó la PCR para A-167G con una Tm de 50°C.

El T80C podría producir cambios de polaridad de *SSTR2* afectándolo funcionalmente, aunque tridimensionalmente no arrojan valores significativos, y el amplicón de A-167G permitirá observar su influencia en muestras tumorales.

GMH 11

ESTUDIO DE VARIANTES ALÉLICAS EN EL GEN METILENTETRAHIDROFOLATO DESHIDROGENASA (MTHFD) Y SU ASOCIACIÓN CON DEFECTOS DEL CIERRE DEL TUBO NEURAL

Espeche L. D.,¹ R. Liascovich,¹ E. Goldschmidt,² L. B. Dain,¹ N. D. Buzzalino¹

¹ Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS "Dr. Carlos G Malbrán", Cdad. Aut. de Buenos Aires. lespeche@anlis.gov.ar

² Servicio de Genética, Hospital Juan A. Fernández, Cdad. Aut. de Buenos Aires.

Los defectos del cierre del tubo neural (DCTN), de etiología multifactorial en humanos, agrupan a una serie de entidades como la anencefalia, la espina bífida y el encefalocele. Se han propuesto diversos polimorfismos en genes de la vía del folato como posibles factores genéticos de riesgo para DCTN. Resultados previos de nuestro laboratorio, en algunos de estos genes, indicarían que sólo el genotipo 677TT de MTHFR se asociaría a la ocurrencia de DCTN en nuestra población. El objetivo fue estudiar el polimorfismo 1958G>A del gen MTHFD de la vía del folato y su asociación con DCTN.

Se analizaron 494 muestras (106 casos, 115 madres, 102 padres y 171 controles) por PCR-RFLP. Los datos obtenidos se evaluaron mediante Chi2, OR, Regresión Logística y TDT y se analizó el equilibrio de Hardy-Weinberg.

Las frecuencias alélicas halladas fueron A=0,51 y G=0,49. Las poblaciones de casos

y de controles se encontraron en equilibrio. El análisis de casos vs controles sugiere que no existiría una asociación significativa del alelo A (OR= 0,902 (0,640-1,270)) ni del genotipo AA (OR= 0,948 (0,537-1,672)) con DCTN. Asimismo, el análisis por Regresión Logística muestra que esta variante no representaría mayor riesgo en combinación con otros polimorfismos estudiados previamente. Análogamente, por los resultados del TDT, no existiría una segregación preferencial del alelo A de los padres a los afectados ($p=0,91$).

En conclusión, se describe por primera vez la frecuencia de este polimorfismo en nuestra población, el cual no se asociaría con riesgo aumentado para la ocurrencia de los DCTN.

GMH 12

IMPACTO DE LA CONVERSIÓN GÉNICA ASIMÉTRICA EN LA EVOLUCIÓN MOLECULAR DE LOS DUPLICONES QUE MEDIAN LA INVERSIÓN DEL INTRÓN 22 (INV22) EN LA HEMOFILIA A (HA) HUMANA: EVALUACIÓN *IN-SILICO*

Tetzlaff G. T.,¹ M. Abelleiro,² C. P. Radic,² C. D. De Brasi²

¹ Departamento de Computación, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA; y

² Sección Genética Molecular de la Hemofilia, Academia Nacional de Medicina de Buenos Aires, Argentina. cdebrasi@hematologia.anm.edu.ar

La mitad de las HA-severas son causadas por una inversión inactivante del gen del *F8*, la *Inv22*. Esta *Inv22* ocurre en meiosis masculinas por recombinación homóloga entre secuencias repetidas e invertidas de 10kb ubicadas una dentro (*int22h-1*) y dos fuera del *F8* (*int22h-2* e *int22h-3*). Estos eventos de recombinación acoplan entrecruzamiento recíproco, que determina la inversión, y conversión-génica, en el centro de *int22h*. Previamente, observamos que esta conversión-génica asociada a la *Inv22* ocurre 'asimétricamente' (índice $0.8 > 0.5$), favoreciendo la transferencia hacia *int22h-1* (considerando al *locus* como determinante de asimetría), o

hacia las *int22h* con el alelo [+] (considerando al *status* como determinante). Como la conversión-génica entre las copias *int22h* puede ocurrir, y con alta frecuencia, desacoplada de la *Inv22*, el objetivo de este trabajo es explorar *in-silico* el impacto potencial de la asimetría en la evolución molecular de *int22h*.

Fueron desarrollados dos algoritmos, implementados en C++, para simular por *locus* y por *status* la evolución de las frecuencias poblacionales de marcadores en *int22h*, por 20000 generaciones, con un N_e de 10000, variando los parámetros iniciales (tasas de conversión-génica alélicas y no-alélicas). Tomando frecuencias iniciales del haplotipo ancestral *int22h-1/-2/-3* igual a 1/0/0, se observa que: simulando por *locus*, a mayor tasa de conversión, la asimetría disminuye la frecuencia de igualación *int22h-1/-2/-3* primaria; y, simulando por *status*, la asimetría resulta muy eficiente 'destruyendo' alelos [+] y acelerando la fijación alélica.

Nuestros resultados permiten estimar que la asimetría en la conversión-génica podría ser un factor importante en la coevolución de los duplicones *int22h*.

GMH 13

POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE (SNPS) EN EL GEN XRCC1 Y SU ASOCIACIÓN CON EL RIESGO DE DESARROLLO DE CÁNCER CERVICAL INVASOR

Barbisan G.,* L. O. Pérez, L. Difranza, N. Ciancio, C. D. Golijow

IGEVET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. Calle 60 y 118 S/N, CP1900, La Plata, Argentina.

*Expositor, gbarbisanla@yahoo.com

Introducción: La proteína XRCC1 juega un rol importante en el sistema de reparación por escisión del ADN. Dos polimorfismos identificados en este gen, Arg399Gln y Arg194Trp, fueron asociados con el riesgo de desarrollo de diferentes tipos de cánceres.

El objetivo del presente trabajo fue evaluar la potencial asociación de ambos SNPs

del gen XRCC1 con el riesgo de desarrollo de carcinoma cervical y la infección por VPH.

Materiales y Métodos: Se analizaron un total de 114 muestras con citología cervical normal y 103 carcinomas cervicales de células escamosas. La genotipificación de ambos SNPs fue realizada mediante PCR-RFLP. La presencia del VPH fue evaluada por medio de PCR anidada, y su genotipificación se llevo a cabo mediante SSCP y secuenciación directa.

Resultados: El análisis estadístico reveló que los individuos portadores del alelo Gln399 así como de los genotipos Arg399Gln y Gln399Gln + Arg399Gln presentan una disminución en el riesgo de desarrollo de cáncer cervical. El haplotipo Arg194 Gln399, con un efecto dominante, estaría también otorgando una disminución en el riesgo. No se encontró asociación entre el polimorfismo Arg194Trp y el desarrollo de este carcinoma, como así tampoco entre la infección por VPH y los SNPs en estudio.

Conclusiones: Los resultados obtenidos demuestran que los genotipos Arg399Gln y Gln399Gln + Arg399Gln, así como el haplotipo Arg194 Gln399, actuarían como factores protectores disminuyendo el riesgo de desarrollo de cáncer cervical en mujeres de la ciudad de La Plata. La susceptibilidad genética encontrada para este polimorfismo estaría actuando independientemente al estado de infección del tejido cervical.

GMH 14

ESTUDIO PRENATAL DE DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE

Giliberto F.,¹ V. Ferreiro,^{2,3} F. Massot,¹ M. Ferrer,⁴ G. Piazza,¹ I. Szijan¹

¹ Cátedra de Genética y Biología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA.

² División Genética, Hospital de Clínicas José de San Martín.

³ Fundación Genos.

⁴ Instituto de Neurociencias, Hospital de Clínicas José de San Martín.

La Distrofia muscular de Duchenne (DMD) es una de las enfermedades heredita-

rias más frecuentes (1:3500), recesiva, ligada al X, progresiva y de evolución fatal. Por el momento no existe un tratamiento efectivo para detener o revertir su desarrollo. Los estudios moleculares resultan de suma utilidad para las familias con antecedentes de esta grave afección.

El objetivo del trabajo fue estudiar 22 mujeres embarazadas de familias afectadas con DMD para determinar la probabilidad del futuro hijo de ser afectado o portador de DMD. Se analizaron 25 vellosidades coriónicas: 54,5% provenían de mujeres con historia familiar y 45,5% de familias con casos esporádico. Se purificó ADN de sangre periférica y de vellosidades para realizar ensayos de PCR multiplex y análisis de segregación de STRs intragénicos mediante PCRs radiactivas o con tinción argéntica.

El 76% de los resultados fueron informativos con un 95-100% de certeza. El 68% de las vellosidades fueron excluidas de portar la mutación, en el 8% fueron incluidas de poseer la mutación, y en el 24% se obtuvieron resultados no informativos. El 36% de los estudios se transformó en directo ya que alguno de los STRs mapeó en la delección, alcanzando un 100% de certeza. Se evidenciaron eventos de recombinación en el 6% de las muestras. Se comprobó que la mutación fue de novo en 4 familias. Se detectó contaminación con sangre materna en 2 vellosidades.

Los estudios de segregación de STRs son una vigente herramienta molecular que permite predecir el riesgo del futuro bebe de desarrollar o transmitir la enfermedad.

GMH 15**USO DE LA HIBRIDACIÓN FLUORESCENTE *IN SITU* PARA LA DETECCIÓN DE BACTERIEMIAS EN PACIENTES CON SÍNDROME SÉPTICO****Cómito M. L.,¹ M. L. Vilaró,¹ E. A. Moscone²**

¹ Laboratorio de Microbiología, Hospital Privado Centro Médico de Córdoba. Córdoba, Argentina.
mvilaro@hospitalprivadosa.com.ar

² Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, CONICET-UNC, Córdoba, Argentina.

El síndrome séptico es una de las principales causas de muerte en pacientes hospitalizados. La tasa de mortalidad de pacientes con septicemia oscila de 30 a 70%. La bacteriemia, definida como la presencia de bacterias viables en la sangre circulante, confirma la etiología del cuadro clínico y es de suma utilidad para la implementación de un tratamiento efectivo que disminuya la morbi-mortalidad de los enfermos. El cultivo de sangre del paciente con sospecha clínica de bacteriemia en medio líquido es el método de referencia para confirmarla. El uso de métodos mole-

culares permite el diagnóstico rápido, sensible y específico de la bacteriemia.

El objetivo de este estudio fue de poner a punto la técnica de hibridación fluorescente *in situ* (FISH) dirigida contra una secuencia conservada del ARN 16s bacteriano, para confirmar la etiología de las muestras de cultivos positivos que mostrasen bacterias a la observación microscópica.

La técnica de FISH permitió identificar bacteriemia causadas por los géneros: *Pseudomonas*, *Escherichia*, *Klebsiella*, *Acinetobacter*, *Streptococcus*, *Staphylococcus* y *Enterococcus*; y demostró la ausencia de hibridaciones no específicas en el caso de sepsis causadas por hongos del género *Candida*. La sensibilidad del método en relación al cultivo fue del 100%. Se estableció el valor predictivo negativo y positivo de la sonda y el número mínimo de bacterias necesarias para obtener señales visibles, con el fin de realizar la puesta a punto de la técnica.

Los resultados obtenidos son valiosos a fin de adoptar esta metodología de forma rutinaria para el diagnóstico rápido de bacteriemia.

Comunicaciones libres: Genética médica

GMED 1

PACIENTE CON RETARDO MENTAL,
OBESIDAD, FACIES PECULIAR Y
APERTURA DEL ÁNGULO MANDIBULAR:
¿SÍNDROME DE SHASHI?

Palermo A. J.,¹ M. Morata,² R. D. Carrero
Valenzuela³

¹ Colaboradora.

² Personal de la Cátedra de Ortodoncia, Facultad de Odontología de la UNT. San Miguel de Tucumán, Argentina.

³ Personal de la Orientación Genética del Departamento Biomédico, Facultad de Medicina de la UNT. roque.carrero@gmail.com

El síndrome de Shashi o MRXS11 (OMIM 300238) es un cuadro de retardo mental ligado a Xq26-Xq27. Un varón de 8,5 años fue evaluado por retardo psicomotriz, hiperactividad, antecedentes de infecciones respiratorias frecuentes, IgE elevada y diagnóstico presuntivo de síndrome de Job. Su examen físico reveló macrocefalia, talla normal alta, obesidad, 2 vorticilos posteriores e implantación pilosa vertical anterior en cuero cabelludo, cara redonda, ojos hundidos, antimongoloidismo, epicanto superior bilateral, depresión rizonasal, nariz corta y aplanada con ápice relativamente bulboso, filtro relativamente largo, lengua con dos eminencias dorsales paramedianas alargadas en sentido longitudinal, labio inferior prominente y evertido, prognatismo, orejas largas a expensas de un lóbulo de 3,5 cm de longitud, primeros dedos de los pies cortos, uñas en vidrio de reloj, distrofia ungueal en los quintos dedos, erupción micropapular en superficies extensoras de ambos brazos, codos hiperextensibles, manos largas, distancia reducida entre surcos metacarpofalángicos e interfalángicos proximales, clinodactilia V bilateral, y uñas hundidas, estrechas y transversalmente hiperconvexas. La reevaluación a los 10,4 años evidenció macroorquidismo

bilateral. La madre del paciente presentó asimismo cara redonda, antimongoloidismo y uñas de las manos hundidas, estrechas e hiperconvexas. La búsqueda en la Base de Datos Dismorfológicas de Londres permitió orientar el diagnóstico diferencial hacia el síndrome de Shashi. En base a los hallazgos en la primera familia descrita, se perfeccionó la cefalometría y detectó que Rodrigo y su madre (ésta en menor grado) presentan una apertura exagerada del ángulo mandibular, lo cual replica exactamente la descripción de Shashi y colaboradores.

Este trabajo fue financiado en parte con el subsidio CIUNT 26/1403 a RCV

GMED 2

TRISOMIA 9P RESULTADO DE UNA
TRANSLOCACIÓN T (9,15)
DESBALANCEADA DE NOVO

Quaglio A. L., S. N. Carbognani, P. A. Quaglio, H. C. Quaglio†, H. F. Quaglio

Centro del Litoral Genética Médica Rosario, Santa Fe. hquaglio@igl-genetica.com.ar

Introducción: La trisomía 9p es una de las más frecuentes anomalías autosómicas compatibles con una larga sobrevida. Las características clínicas incluyen hipertelorismo, desviación hacia abajo de fisuras palpebrales, comisura bucal desviada hacia abajo, ojos hundidos, anomalías esqueléticas leves como hipoplasia de falanges distales.

Objetivo: Reportar un caso de trisomía 9p, comentar pasos para llegar al diagnóstico, revisión de las características clínicas y de la bibliografía.

Métodos Utilizados: Evaluación clínica detallada, estudio citogenético, técnica de alta resolución y citogenética molecular (FISH).

Resumen: Paciente de sexo masculino primer hijo de pareja no consanguínea sin antecedentes familiares de relevancia, con retar-

do mental, obesidad, baja talla, puente nasal alto, narinas antevertidas, labios finos, pabellones auriculares de implantación baja, criptorquidia bilateral, alteraciones estructurales de manos y pies, y atrofia cortical y cerebelosa.

El resultado es una trisomía 9p de novo, siendo ambos progenitores cromosómicamente normales.

Conclusión: La Genética Médica en conjunto con citogenética y citogenética molecular permitieron llegar al diagnóstico de trisomía 9p por translocación desbalanceada de novo.

GMED 3

DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE / BECKER: IDENTIFICACIÓN DE UNA MUTACIÓN EN UN PACIENTE CON FENOTIPO INTERMEDIO

Ferreiro V.,^{2,3} F. Giliberto,¹ L. Francipane,² G. Moya,³ S. Díaz,³ M. Roque Moreno,⁴ I. Szijan¹

¹ Cátedra de Genética y Biología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA.

² División Genética Hospital de Clínicas José de San Martín.

³ Fundación Genos.

⁴ Laboratorio de Biología Celular y Molecular, IHEM-CONICET CCT-Mendoza, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza.

La Distrofia Muscular de Duchenne (DMD) es una de las enfermedades hereditarias más frecuentes (1:3500). Es recesiva, ligada al X, con síntomas clínicos progresivos y de evolución fatal. La Distrofia Muscular de Becker (DMB) es más benigna y menos frecuente. Ambas patologías se producen por mutaciones en el gen de la distrofina (Xp21), principalmente grandes deleciones (72%), menos frecuentemente duplicaciones (9%) y raramente mutaciones puntuales (21 %).

Se realizó un estudio molecular en un paciente con clínica y datos bioquímicos intermedios entre DMD y DMB. En una primera instancia se analizaron 16 exones por PCR multiplex no hallándose ninguno delecionado. Para la detección del 100% de deleciones y duplicaciones se realizó posterior-

mente un estudio de MLPA (Multiplex Ligation Dependent Probe Amplification) que no reveló ninguna alteración de este tipo. En la última etapa de la estrategia diagnóstica se rastrearon las mutaciones puntuales en las regiones codificantes y en las zonas de unión exón-intrón mediante Secuenciación directa, lo que reveló la presencia de una mutación puntual en la 3ra base del intrón 46 (Ex46+3,c6762+3A>T). Dicha mutación teóricamente alteraría el correcto splicing del exón pudiéndose generar productos de la distrofina con y sin exón 46, lo que explicaría en parte el fenotipo observado en el paciente. Estudios de RNA en biopsia revelarían esta hipótesis.

Se quiere demostrar la importancia de la utilización de una estrategia diagnóstica particular y correcta para la resolución de casos complejos de Duchenne/Becker y para poder predecir lo más eficientemente la evolución de la enfermedad de cada paciente.

GMED 4

SINDROME BARAITSER PIERSON (BRAQUIFALANGIA POLIDACTILIA, Y APLASIA/HIPOPLASIA TIBIA): PRESENTACION DE UN CASO Y REVISION DE LA LITERATURA

Bidondo M. P.,¹ J. A. Garrido,¹ E. Gil,² M. L. Teiber,¹ C. Z. Barreiro¹

¹ Servicio de Genética. Hospital de Pediatría S.A.M.I.C. Prof. Dr. Juan P. Garrahan. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. cbarreiro42@hotmail.com

² Asociación de Genética Humana. Mar del Plata Provincia de Buenos Aires.

Introducción: En 1997 Baraitser y col. describieron el primer paciente con anomalías de miembros y un patrón distintivo de anomalías faciales. Hasta la fecha se comunicaron siete casos.

Objetivo: Contribuir al delineamiento clínico de una entidad poco frecuente con herencia autosómica dominante de expresividad variable; a través de un nuevo caso y su correlación con los casos previamente publicados.

Caso clínico: El propósito es el segundo hijo de una pareja joven no consanguínea; evaluado a los dos meses de vida por retardo madurativo, dismorfias faciales, anomalías de miembros e hipoacusia. El resultado del estudio cromosómico fue normal. El diagnóstico de Baraitser Pierson se realizó en base al fenotipo.

Nuestro paciente comparte con las publicaciones previas los siguientes signos clínicos:

Hipertelorismo, blefarofimosis, anomalías de pabellón auricular, hipoacusia, acortamiento de cuatro miembros, hipoplasia tibial bilateral, braquifalanga, sindactilia e hipoplasia ungueal en ambas manos, pterigium en articulación de rodillas, polidactilia en espejo en ambos pies, y criptorquidia.

Presenta signos no descriptos en la literatura: CIA, subclavia aberrante, incompetencia velofaríngea y mamelón en cuello.

Si bien existe cierta superposición clínica con el Síndrome de Disorganization Like, el paciente presenta las características distintivas descriptas por Baraitser.

Conclusión: Nuestro paciente contribuye a la delineación fenotípica en una entidad poco frecuente. La presencia de signos compartidos con Síndrome de Disorganization Like permite plantear si se trata de dos entidades separadas o un espectro de una entidad única.

Las base molecular de esta entidad aun no esta claramente definida. Se comenzaron a estudiar posibles genes candidatos como ALX4.

GMED 5

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE AGREGADOS GEOGRÁFICOS DE 25 DEFECTOS CONGÉNITOS EN SUDAMÉRICA

Gili J. A., Poletta F. A., Comas B., Campaña H., Rittler M., Cosentino V. R., López Camelo J. S.

Estudio Colaborativo Latinoamericano de Malformaciones Congénitas - ECLAMC en: Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas - CEMIC, Buenos Aires, Argentina. Instituto Multidisciplinario de Biología Celular - IMBICE, La Plata, Argentina.

jagili79@gmail.com

Un agregado de geográfico, es un exceso de casos de malformaciones, mayor que el número de casos esperado según una frecuencia de referencia en una región específica. Objetivos: Identificar agregados geográficos, estimar la susceptibilidad genético-ambiental de los mismos, identificar factores de riesgos (OR) específicos dentro de cada agregado, estimar la susceptibilidad (S), caracterizar fenotípicamente los casos dentro de cada agregado geográfico, con el fin de proporcionar pistas sobre la causalidad de los defectos congénitos. Métodos: La muestra incluye 128.160 casos con malformaciones (c/u con un control apareado), ocurridos en 4.586.569 nacimientos de 118 hospitales de 10 países sudamericanos, durante el periodo 1982-2006 del ECLAMC. Para los agregados se implementa el método spatial scan statistic de Kulldorf. La susceptibilidad se calcula con los métodos de Khoury y de Hoffman. Resultados: para labio leporino (LL) se detectaron dos agregados geográficos: Cluster1 (hospitales 218, 204, B01, B06, B07, B08 y 807), tasa/10.000nac de LL=5,84 (IC95% 4,6-7,3), $S_{(Cluster1)}=2,79$; Cluster2 (hospitales A25, A43 y A59) tasa/10.000nac de LL=5,24 (IC95% 4,2-6,5), $S_{(Cluster2)}=2,19$. Tasa esperada de LL=3,10/10.000nac (IC95% 2,9-3,2). Los OR y S para los factores de riesgo fueron: Cluster1, ascendencia nativa OR=2.0, S=2.9; abortos espontáneos OR=1.5, S=2.8; edad paterna < 19 años OR=0.3, S=-4.2; enfermedades agudas OR=1.8, S=4.4. En Cluster2, gravidez > 4

OR=3.1, S= 3.9; edad paterna < 19 años OR=0.3, S=-3.8; enfermedades agudas OR=0.4, S=-4.1. Conclusiones: El abordaje de agregados geográficos nos permitirá identificar factores genéticos y/o ambientales bajo la hipótesis que dichos factores están presentes en la población en forma crónica, con mayor frecuencia que en las regiones geográficas de referencia.

GMED 6

FAMILIA TUCUMANA CON NEUROPATÍA HEREDITARIA SENSITIVO-MOTRIZ LIGADA AL X (CMTX) Y DOS MUTACIONES DIFERENTES EN *GJB1/CX32*

Gerding W. M.,¹ J. Kötting,¹ J. T. Epplen,¹ L. Rey,³ R. D. Carrero Valenzuela²

¹ Humangenetik, Ruhr-Universität Bochum, Deutschland

² Personal. roque.carrero@gmail.com

³ Colaboradora de la Orientación Genética del Departamento Biomédico, Facultad de Medicina de la UNT, San Miguel de Tucumán, Argentina.

La neuropatía hereditaria sensitivo-motriz o enfermedad de Charcot-Marie-Tooth asociada a mutaciones en *GJB1/Cx32*, el gen de la conexina 32 en Xq13.1 (CMTX1, OMIM 302800), da cuenta del 10-20% de todas las neuropatías desmielinizantes hereditarias, y entre éstas es superada en frecuencia solamente por CMT1A. Estamos estudiando una familia tucumana de 5 generaciones con 7 varones afectados y 8 portadoras obligatorias genealógicamente identificadas. Establecido el diagnóstico presuntivo y previo consentimiento informado, se aisló ADN genómico para diagnóstico genético molecular. El secuenciamiento directo del exón 2 y regiones adyacentes de *GJB1/Cx32* en 2 varones sintomáticos cuyos respectivos abuelos maternos, ambos afectados, eran hermanos, reveló mutaciones en los 2. Sorprendentemente, cada uno tenía una mutación diferente en hemigiosis, y ambas comprometían al mismo nucleótido: c.383C>T (p.128S>L) y c.383C>A (p.128S>X). En cada caso se verificó que la mutación identificada estaba presente en heterocigosis en el ADN genómico

materno correspondiente; además, el análisis de microsatélites evidenció que los alelos de los marcadores ligados a *GJB1/Cx32* presentes en ambos pacientes eran idénticos. Esta información molecular no permite diferenciar si las mutaciones investigadas resultaron de sendos eventos primarios o si un alelo primariamente mutante mutó por segunda vez. En conclusión, en base a la tasa de mutación de 10^{-8} por nucleotide, 2 mutaciones diferentes en la misma posición en esta familia tucumana, representan un hallazgo muy poco común con una bajísima probabilidad de ocurrencia.

Este trabajo fue financiado por los subsidios CIUNT 26/I403 a RDCV y FORUM F 608R-2007 a WMG.

GMED 7

DISTRIBUCION ESPACIAL DE LA MORTALIDAD INFANTIL POR MALFORMACIONES CONGÉNITAS EN ARGENTINA

Bronberg R. A.,¹ E. L. Alfaro,² E. Chaves,² J. E. Dipierri,² J. Lopez Camelo,³ E. E. Castilla⁴

¹ Servicio de Neonatología, Area Genética Médica, Hospital General de Agudos Dr. JM. Ramos Mejía. rabronberg@intramed.net.ar

² Instituto de Biología de la Altura. Universidad Nacional de Jujuy.

³ ECLAMC-IMBICE-CEMIC.

⁴ ECLAMC-CEMIC.

Las malformaciones congénitas (MC) representan un problema de salud emergente en los países en vías de desarrollo, en los que adquiere una importancia relativa creciente como causa de muerte en el primer año de vida. El objetivo de este trabajo fue analizar la distribución espacial de la tasa de mortalidad infantil por MC en Argentina (TMIMC) mediante análisis de agrupamiento. Los datos correspondientes a recién nacidos vivos y fallecidos por alguna malformación congénita entre 2002 y 2006 fueron proporcionados por la Dirección de Estadística e Información de Salud del Ministerio de Salud. Para analizar la distribución espacial se utilizó el Software SaTScan v5.1 que

permite la identificación de agrupamientos significativos. El log. del likelihood ratio requerido para que un cluster observado sea significativo a nivel de $p = 0.01$ fue 10.837 y para $p = 0.05$ fue 9.501. En el quinquenio analizado la TMIMC en todo el país fue 3,3‰. Se registraron 3497936 nacimientos y 52266 defunciones de las cuales 11452 se debieron a MC. Se identificaron en total 7 agrupamientos, 2 con TMIMC superiores a la tasa nacional (4,29‰ y 4,03‰) y 5 con TMIMC inferiores (2,80‰, 2,55‰, 2,01‰, 1,81‰, y 1,43‰). Pese al subregistro del que adolecen los certificados de defunciones de menores de 1 año los datos encontrados en este análisis permiten identificar claramente dos regiones en el país con TMIMC que superan significativamente la tasa nacional información que permitirían diseñar acciones focalizadas de prevención y políticas de salud para la disminución de su incidencia en estas regiones.

GMED 8

REPORTE DE DOS CASOS DE TRISOMIA 16Q PRODUCTO DE UNA TRANSLOCACION BALANCEADA T(13;16) DE ORIGEN MATERNO

Quaglio P. A., S. N. Carbognani, A. L. Quaglio, H. C. Quaglio†, H. F. Quaglio

Centro del Litoral Genética Médica Rosario, Santa Fe. hquaglio@igl-genetica.com.ar

Introducción: La trisomía parcial 16q, esta asociada con translocaciones balanceadas en uno de los progenitores, más frecuentemente materna.

Objetivo: Presentar un caso familiar de trisomía 16q producto de una translocación t(13;16) de origen materno.

Métodos Utilizados: Evaluación clínica detallada, exámenes complementarios, estudio citogenético, técnica de alta resolución y biopsia de vellosidades coriales.

Resumen: Pacientes de sexo masculino medios hermanos por vía materna. Ambos hijos de pareja no consanguínea, de diferentes padres, con similar fenotipo, asimetría craneana, frente prominente, alteraciones en

el paladar blando, retrognatia, nariz bulbosa, orejas de implantación baja. Al primer niño se realizó estudio cromosómico con bandeado G en el cual se visualiza un material adicional en el brazo corto del cromosoma 13 y se estudia a los padres. El estudio de citogenética y técnica de alta resolución en la madre revela una translocación balanceada t(13;16)(p11.2;q21) y en el niño una trisomía 16q con un cariotipo 46,XY,der(13;16)(p11.2;q21)mat. El niño presenta hidronefrosis y tetralogía de fallot y fallece por desnutrición y cardiopatía congénita. En el segundo embarazo a las 11 semanas se realiza Biopsia de Vellosidades coriales con bandeado G se constata que se está gestando un varón con trisomía 16q, se indica amniocentesis. Nace el segundo hijo sin cardiopatía ni nefropatía y estudio cromosómico 46,XY,der(13;16)(p11.2;q21)mat.

Conclusión: Con las técnicas utilizadas se pudo llegar a diagnóstico de trisomía parcial 16q por traslocación materna balanceada.

GMED 9

CONDICIÓN SOCIOECONÓMICA ADVERSA Y DEFECTOS DEL DESARROLLO. IMPACTO DE FACTORES INVOLUCRADOS EN LA POBREZA EN ARGENTINA

Pawluk M. S., H. Campaña, J. S. López-Camelo

Laboratorio de Epidemiología Genética, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), La Plata, Argentina. masopaw@yahoo.com.ar

Introducción: En Argentina, el NBI es un indicador poblacional utilizado para cuantificar el grado de pobreza a nivel de departamento/municipio/distrito escolar. Variables como educación, salud y acceso a los servicios, son siempre parte de un perfil de pobreza. Conocer la contribución relativa de cada una de ellas a los defectos del desarrollo adquiere importancia para establecer medidas de prevención primaria.

Objetivo: Construir un perfil de las condiciones sociales adversas, en dos niveles de jerarquía: indicadores socioeconómicos a nivel regional e indicadores socioeconómicos a nivel individual.

Materiales y Métodos: Diseño epidemiológico multinivel. En el primer nivel jerárquico, se identificaron regiones con alto NBI (región desfavorable) y bajo NBI mediante el programa SatScan. En un segundo nivel, dentro de cada región identificada, se analizaron variables sociodemográficas a nivel individual, para determinar el perfil de la población residente. La muestra de 36362 recién nacidos sin malformaciones congénitas fue seleccionada del ECLAMC, en 1.640.519 nacimientos, ocurridos en 80 hospitales de 43 municipios de Argentina, durante el periodo 1982-2007.

Resultados: Se identificaron dos clústeres, uno con alto NBI (28,9%) en la región NOA y NEA de Argentina y otro con bajo NBI (13,8%). La región con alto NBI se caracteriza por mayor frecuencia de: madre adolescente, tamaño familiar grande, padres con primaria incompleta y mayor frecuencia de mortinatos y neonatos con bajo peso (<2500g).

Conclusión: La identificación de regiones y poblaciones en condiciones sociales desfavorables permitirán, en una segunda etapa, analizar su impacto sobre defectos del desarrollo y los defectos congénitos.

GMED 10

DETECCION MOLECULAR DE LA MUTACION CD39 CAUSANTE DE Â-TALASEMIA EN UN GRUPO DE PACIENTES DE POSADAS, MISIONES

Riera M. A.,¹ N. R. Labandera,² L. N. Nemeth,² P. D. Zapata,¹ Z. E. Galeano²

¹ Laboratorio de Biotecnología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Pcia. de Misiones. malejandror_22@hotmail.com

² Cátedra de Bioquímica Clínica I, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Pcia. de Misiones.

Las talasemias constituyen un grupo heterogéneo de enfermedades hereditarias muy frecuentes, en las que existe un déficit parcial o total de síntesis en una o más de las cadenas polipeptídicas que forman la hemo-

globina. El estudio molecular de la â-talasemia heterocigota en poblaciones con importante ascendencia genética mediterránea tiene importantes aplicaciones como la prevención y el consejo genético. Varias mutaciones causantes de â-talasemia han sido reconocidas, siendo la alteración en el codón 39 del gen de la â-globina (CD39) una de las más frecuentes entre la población de origen mediterráneo.

En el marco de un proyecto que tiene por objeto investigar la presencia de las 6 mutaciones más frecuentes en poblaciones con ascendencia genética mediterránea, se estudió la presencia de la mutación CD39 en un grupo de 11 pacientes con diagnóstico de anemia provenientes del Servicio de Hematología de distintos establecimientos de la ciudad de Posadas, Misiones. Se procedió a realizar la extracción del DNA a partir de 250 ìl de sangre entera mediante la técnica de *salting-out*, luego de lo cual, se realizó una puesta a punto de la técnica *Amplification Refractory Mutation System* (ARMS-PCR) descrita por Old y cols. utilizando primers específicos. De los 11 pacientes analizados, 5 resultaron positivos para la mutación CD39. Este es el primer estudio molecular de la â-talasemia que se realiza en nuestro medio, lográndose poner a punto la técnica necesaria para su aplicación en la detección de individuos portadores de la mutación.

GMED 11

INVERSIÓN PERICÉNTRICA DEL CROMOSOMA 4: DIAGNÓSTICO PRENATAL
Teiber L., G. Moya, V. Collia, M. Drut, M. Bello, S. Diaz

Fundación Genos Buenos Aires moya@genos.com.ar

Las inversiones pericéntricas son anomalías intracromosómicas estructurales que se asocian a infertilidad, abortos espontáneos múltiples o descendencia con anomalías cromosómicas no balanceadas. Tienen una prevalencia alrededor del 0,12 al 0,7 por mil individuos. Las inversiones pericéntricas pueden dar origen durante la meiosis a 2 tipos de cromosomas recombinantes: por duplica-

ción del material del brazo corto y delección del brazo largo (dup p), o duplicación de material del brazo largo y delección del corto (dup q). Presentamos el caso de una familia cuyo padre es portador de un inversión pericéntrica del cromosoma 4 inv (4)(p12-q 33), que concurre para diagnóstico prenatal por el antecedente de dos hijos con retardo del crecimiento intrauterino y anomalías congénitas, fallecidos en los primeros meses de vida, uno de ellos con probable delección 4p. Los estudios prenatales realizados con técnica directa y cultivo del núcleo mesenquimático de las vellosidades coriales con bandeado G informaron la presencia de un cariotipo con un cromosoma 4 recombinante, producto de la inversión pericéntrica paterna 46,XX, rec(4)dup(4p)inv(4)(p12q33) y técnica de FISH para cromosoma 4 ish.rec(4)dup(4p)inv(4)(p12q33)(WHS+) permitieron concluir que el cariotipo de la gestación en curso presentaba el cromosoma recombinante (dup p). La combinación de técnicas citogenéticas y un adecuado estudio citogenético familiar permite realizar diagnósticos precoces que facilitan el control médico de la gestación, el adecuado asesoramiento genético y manejo perinatal del recién nacido.

GMED 12

ESTUDIO POR MLPA EN CUATRO PACIENTES CON RASGOS CLÍNICOS DEL SÍNDROME DE DELECCIÓN/ DUPLICACIÓN 22Q11.2

Ramirez J.,¹ M. I. Echeverría,¹ A. Mampel,¹ M. Marino,² A. Gallardo,³ A. M. Schroh,⁴ C. R. Arce,¹ E. A. Calderón,¹ A. L. Vargas¹

¹ Inst Genética, FCM, UNCuyo.

j.ramirez@fcm.uncu.edu.ar

² Laboratorio de ADN FCM UNCuyo.

³ Servicio de Inmunología Hospital H Notti.

⁴ Servicio de Cardiología Hospital H Notti.

Introducción: El cromosoma 22 contiene secuencias específicas repetidas (LCRs) que tornan inestable a la molécula de ADN y lo predisponen a sufrir mayormente delecciones, aunque también se describen duplicaciones y quiebras El síndrome de delección/ duplica-

ción 22q11.2 ha sido usualmente diagnosticado a través de técnicas como cariotipo y FISH. Recientemente, una nueva metodología MLPA (multiplex- ligation- probe- amplification) ha sido desarrollada para la detección de cambios en el número de secuencias genómicas (delecciones/duplicaciones) en 22q11.2 y otras regiones cromosómicas asociadas con síndromes de DiGeorge y Velocardiofacial (SGD/ SVCF).

Objetivos: Comparar los resultados obtenidos mediante la técnica de MLPA en pacientes con rasgos clínicos compatibles con síndrome de delección/ duplicación 22q11.2

Material y método: En cada caso se obtuvieron los antecedentes. Se registraron los datos clínicos, estudios cardiológicos y de laboratorio en scores de puntuación.

Se hizo cariotipo y se extrajo ADN genómico de cada uno de los pacientes para investigar delecciones/ duplicaciones mediante la técnica de MLPA.

Se compararon los resultados obtenidos por cariotipo por bandeado G, FISH y MLPA.

Conclusiones: Las técnicas de MLPA y FISH resultan concordantes en caso de delección en 22q11.2.

La metodología MLPA permite poner en evidencia microdelecciones/ microduplicaciones no objetivables en el estudio citogenético y por FISH.

MLPA es una herramienta útil en la detección de cambios en el número de copias genómicas en sitios blancos de la molécula de ADN.

Se espera en un futuro poder lograr una correlación genotipo- fenotipo que permita delinear aquellos cuadros con fenotipos intermedios.

GMED 13

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE AGREGADOS GEOGRÁFICOS DE 25 DEFECTOS CONGÉNITOS EN SUDAMÉRICA

Gili J. A., F. A. Poletta, B. Comas, H. Campaña, M. Rittler, V. R. Cosentino, J. S. López Camelo

Estudio Colaborativo Latinoamericano de Malformaciones Congénitas - ECLAMC en: Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas - CEMIC, Buenos

Aires, Argentina. Instituto Multidisciplinario de Biología Celular - IMBICE, La Plata, Argentina.
jagili79@gmail.com

Un agregado de geográfico, es un exceso de casos de malformaciones, mayor que el número de casos esperado según una frecuencia de referencia en una región específica. Objetivos: Identificar agregados geográficos, estimar la susceptibilidad genética-ambiental de los mismos, identificar factores de riesgos (OR) específicos dentro de cada agregado, estimar la susceptibilidad (S), caracterizar fenotípicamente los casos dentro de cada agregado geográfico, con el fin de proporcionar pistas sobre la causalidad de los defectos congénitos. Métodos: La muestra incluye 128.160 casos con malformaciones (c/u con un control apareado), ocurridos en 4.586.569 nacimientos de 118 hospitales de 10 países sudamericanos, durante el periodo 1982-2006 del ECLAMC. Para los agregados se implementa el método spatial scan statistic de Kulldorf. La susceptibilidad se calcula con los métodos de Khoury y de Hoffman. Resultados: para labio leporino (LL) se detectaron dos agregados geográficos: Cluster1 (hospitales 218, 204, B01, B06, B07, B08 y 807), tasa/10.000nac de LL=5,84 (IC95% 4,6-7,3), $S_{(Cluster1)}=2,79$; Cluster2 (hospitales A25, A43 y A59) tasa/10.000nac de LL=5,24 (IC95% 4,2-6,5), $S_{(Cluster2)}=2,19$. Tasa esperada de LL=3,10/10.000nac (IC95% 2,9-3,2). Los OR y S para los factores de riesgo fueron: Cluster1, ascendencia nativa OR=2.0, S=2.9; abortos espontáneos OR=1.5, S=2.8; edad paterna < 19 años OR=0.3, S=-4.2; enfermedades agudas OR=1.8, S=4.4. En Cluster2, gravidez > 4 OR=3.1, S= 3.9; edad paterna < 19 años OR=0.3, S=-3.8; enfermedades agudas OR=0.4, S=-4.1. Conclusiones: El abordaje de agregados geográficos nos permitirá identificar factores genéticos y/o ambientales bajo la hipótesis que dichos factores están presentes en la población en forma crónica, con mayor frecuencia que en las regiones geográficas de referencia.

GMED 14

ANOMALÍAS MENORES COMO PREDICTORAS DE DEFECTOS MAYORES

Campaña H.,¹ M. S. Pawluk,¹ J. A. Gili,² F. A. Poletta,² V. R. Cosentino,² M. Rittler,² J. S. López Camelo¹

¹ Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), La Plata, Buenos Aires.
epidemi@imbice.org.ar

² Dirección de Investigación, CEMIC, Buenos Aires.

Introducción: Las anomalías menores son características morfológicas sin consecuencias estéticas o médicas para el RN. De cada 1000 nacimientos, 140 pueden presentar una anomalía menor, 80 de ellos dos y en 50 casos se encontrarán tres o más. En este último grupo el 90% presenta una anomalía mayor.

Objetivo: Buscar anomalías menores con alto valor predictivo positivo de anomalías mayores.

Material: Fueron incluidos 27 247 recién nacidos con más de una anomalía congénita. La muestra pertenece al ECLAMC en la que fueron registrados 278 167 malformados en 5 567 784 nacimientos, durante el periodo 1967-2007.

Fueron consideradas 23 anomalías mayores y 24 anomalías menores. Fueron analizadas 552 díadas (24x49) y calculado el valor predictivo positivo (VPP). (Probabilidad de presentar una malformación mayor teniendo una determinada malformación menor). Fueron seleccionados las díadas significativas.

Resultados: En el 26% del total de casos se describió como mínimo un defecto menor. La media de la distribución del VPP fue de 2 y el rango varió entre 0 - 25 %, el valor del percentilo 90 fue del 5%. Existen anomalías menores que se asocian con todas las anomalías mayores, como apéndice preauricular. Se observaron 55 díadas con VPP mayor al percentilo 90. De estas, las 5 con mayor valor predictivo, fueron: microrretrognatia/paladar hendido (24,3%), arteria umbilical única/ano imperforado (17%), macrosomía/onfalocela (16.4%), oblicuidad anti-microlóide/microtia (16.2%), oblicuidad

mongoloide/labio leporino con paladar hendido (13.7%) y hernia umbilical/síndrome de Down (9.1%)

Conclusión: Anomalías menores pueden ser de utilidad en la sospecha diagnóstica de anomalías mayores que no son obvias al nacimiento.

GMED 15

VALORACIÓN DEL ESTADO DE LA PRÁCTICA DEL CONSENTIMIENTO INFORMADO POR LOS PROFESIONALES DE LOS SERVICIOS DE GENÉTICA MÉDICA DE LA CIUDAD DE BUENOS AIRES, ARGENTINA

Moya G.

Fundación Genos Buenos Aires. moya@genos.com.ar

La toma de decisión en genética médica es un complejo proceso que requiere una relación médico-paciente basada en el respeto por el principio de autonomía y respeto del individuo. El consentimiento informado se considera un documento protector de los derechos de autodeterminación del individuo, aunque en genética médica no siempre es posible respetar el derecho de autonomía. En Argentina no hay recomendaciones específicas ni normas referidas al empleo de los consentimientos informados para estudios genéticos. Por ello se estudió la valoración de la utilización del consentimiento informado por parte de los profesionales en los servicios de genética médica de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Fueron entrevistados 27 profesionales encargados de realizar o entregar los estudios genéticos. La información obtenida fue codificada y analizada por métodos estadísticos cuantitativos y cualitativos.

Los resultados de este trabajo permiten considerar que a pesar de que la gran mayoría de los entrevistados valoran positivamente la necesidad e importancia de requerir un consentimiento informado antes de realizar un estudio genético, en la práctica, no siempre lo solicitan, o la entrega del documento no siempre es adecuada para respetar los derechos de autodeterminación del paciente. El

consentimiento informado bien comprendido puede mejorar la preparación del paciente frente a un estudio genético, debe incluir una cuidadosa información acerca de los riesgos, beneficios y limitaciones de los análisis, adecuado uso de las opciones médicas, y fortalecimiento de la relación entre el médico y su paciente basada en la honestidad, la confianza y la beneficencia.

GMED 16

SÍNDROME DE CROMOSOMA X FRÁGIL: EXPERIENCIA DE DIAGNÓSTICO PRENATAL EN TRES FAMILIAS

Moya G., F. Masllorens, V. Ferreiro, V. Collia, S. Díaz
Fundación Genos, Buenos Aires. moya@genos.com.ar

El síndrome de cromosoma X frágil está incluido en un grupo de desórdenes asociados a mutaciones del gen FMR1, junto al síndrome de temblor/ataxia y a la falla ovárica precoz. Es responsable de alrededor de la mitad de los casos de retardo mental ligado al cromosoma X y la segunda causa de retardo mental después del síndrome de Down. El diagnóstico prenatal de familias en riesgo es bastante complejo ya que implica la utilización de distintas técnicas moleculares y por ello debe ser realizado en centros con amplia experiencia en diagnóstico prenatal

Se analizaron mediante la técnica PCR tres muestras de vellosidades coriales pertenecientes a familias con antecedentes de mutaciones y premutaciones del gen FMR1. El estudio molecular permitió 1: excluir a una vellosidades de sexo masculino de ser futuro afectado con Fragilidad X por heredar el cromosoma materno no expandido. 2: incluir una vellosidad de sexo femenino al amplificar por PCR sólo el alelo paterno. La falta de alelo materno normal permitió asumir la herencia del alelo materno expandido. 3: incluir a la tercer vellosidad como portadora de una premutación con 30 repeticiones más que su madre. Las tres gestaciones fueron seguidas a término.

El estudio directo de vellosidades coriales por PCR demostró ser una valiosa herramienta para aproximar el diagnóstico pre-

natal de familias con antecedentes de Fragilidad del X lo que se traduce en un correcto asesoramiento genético de las familias implicadas.

GMED 17

TETRAPLOIDIA EN BIOPSIAS CORIÓNICAS DE VELLOSIDADES CORIALES POR MÉTODO DIRECTO: EXPERIENCIA EN 55 CASOS

Masllorens F., G. Moya, D. Domínguez Cáceres, S. Díaz
Fundación Genos Buenos Aires. moya@genos.com.ar

La frecuencia reportada de tetraploidía en biopsia coriónica por método directo oscila entre un 0.8 - 2 por mil.

La mayoría de los casos corresponderían a una aneuploidía confinada a la placenta. Sin embargo, se han descrito alrededor de 20 recién nacidos con tetraploidía, y anomalías congénitas múltiples y retardo mental. Ello determina un dilema para el asesoramiento genético al detectar una tetraploidía en Biopsia de vellosidades coriales.

Se reporta la frecuencia de 1,99 por mil (55 casos) de tetraploidía en 27.603 biopsias coriónicas consecutivas realizadas desde marzo de 1992 hasta marzo de 2008. En 6/55 muestras se realizó el cultivo del núcleo mesodérmico de las vellosidades coriales, y en 22/55 muestras se realizó amniocentesis, detectándose la tetraploidía en mosaico en sólo 1 de ellas.

El seguimiento ecográfico a la semana fue normal en todas, excepto una gestación detenida espontáneamente; en la semana 18-20 de 45 casos: 37 fueron normales, dos gestaciones detenidas, una con hallazgo de hígroma quístico, 5 gestaciones fueron interrumpidas en forma electiva, dos con trisomía 21 libre y una con atrofia muscular espinal.

Se constataron 37/55 nacimientos, 31 niños normales, un niño con síndrome de Noonan, una niña con síndrome de Rubinstein-Taybi, y dos niños con retraso de crecimiento por patología placentaria.

Estos datos nos permiten sugerir que ante el hallazgo de células tetraploides en estudios directos de citotrofoblasto, es convenientemente

realizar un asesoramiento en términos de bajo riesgo, un seguimiento ecográfico del feto y profundizar los estudios citogenéticos sólo en aquellos casos en que se evidencian anomalías ecográficas.

GMED 18

TRISOMÍA PARCIAL 7Q22 QTER;
MONOSOMÍA 20P EN UN NIÑO
PRODUCTO DE UNA
T(7;20)(Q22;P11)MAT

Gil E., L. A. López Miranda, M. N. Poli, G. J. Zanier, J. H. M. Zanier

Asociación de Genética Humana (AGHU). Mar del Plata. Argentina. genedg@intramed.net

El objetivo de este trabajo es presentar un paciente de 4 años y 7 meses, que concurre a la consulta por dismorfias y fascie peculiar con frente prominente, estrabismo izquierdo, epicantus, nariz pequeña con narinas antevertidas, orejas pequeñas, línea palmar única en mano izquierda, braquidactilia, retraso madurativo y baja talla.

Se realizó estudio cromosómico en sangre periférica en el niño y la madre mediante la técnica de bandeado G. La madre resultó ser portadora de una translocación balanceada t(7;20)(q22;p11), y el niño presentó un derivado del cromosoma 20 heredado de la madre, dando como resultado una trisomía parcial 7q22 qter y monosomía 20p.

Además, en el niño se realizó estudio de FISH con la sonda de ADN específica para el cromosoma total 20(wcp20) sobre extendido celular de cultivos de linfocitos de sangre periférica, obteniéndose 46,XY, 20p+.ish der(20)(wcp20-)[14].

Podemos decir que nuestro paciente no presenta hallazgos clínicos en relación a la monosomía 20p. En cambio, si bien existen características clínicas diversas e inespecíficas, la correlación fenotipo-genotipo en trisomía 7q es cuestionable. En base a lo descrito en este trabajo y lo reportado en la literatura concluimos que no hay evidencia de una región crítica donde se relacione el fenotipo con el genotipo.

GMED 19

ARTROGRIPOSIS LIGADA AL CROMOSOMA X. PRESENTACION EN UNA PACIENTE CON MONOSOMIA DEL X

Dellamea C.,¹ R. Armando,² M. P. Bidondo,² M. L. Teiber,² E. Gutiérrez,¹ C. Z. Barreiro²

¹ Hospital Pediátrico Dr Avelino Castellan. Ciudad de Resistencia. Provincia de Chaco.

² Hospital Pediatría S.A.M.I.C. Prof. Dr. Juan P Garrahan. Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

cbarreiro42@hotmail.com

Introducción: La artrogriposis es un cuadro de contracturas múltiples; puede presentarse en forma aislada o ser parte de una entidad genética. Existen cuatro tipos con herencia ligada al cromosoma X: Tipo 1: Con severas contracturas, escoliosis, hipotonía y muerte dentro del primer año de vida. Tipo 2: Menos severa, que también presenta contracturas, ptosis, microcefalia e inteligencia normal. Tipo 3: Con artrogriposis leve a moderada que mejora con el tiempo. Tipo 4: Con múltiples contracturas especialmente en miembros inferiores.

Caso: Presentamos una paciente evaluada a los 7 meses de vida por hipotonía, y retraso de crecimiento. No se mencionan antecedentes familiares de importancia. Al examen físico presenta: Facie hipomímica, micrognatia, boca entreabierta, comisuras labiales hacia abajo, paladar ojival, sindactilia cutánea en pies, debilidad muscular, artrogriposis en cuatro miembros e hipotonía. Sin signos que remeden al síndrome de Turner.

Estudios complementarios: CPK: 39 U/l, Rx de huesos largos: Osteopenia generalizada, Ecocardiograma: CIA. Ecografía Cerebral: Dos quistes de plexos coroideos, Ecografía Renal: Quiste solitario de riñón derecho. Riñón izquierdo displásico.

Cariotipo: 45, X.

Por las características fenotípicas de la paciente y su compromiso se planteo la hipótesis diagnóstica de artrogriposis ligada al X tipo I.

Comentario: Existen casos esporádicos, pero también se describen casos intrafamiliares. El asesoramiento es complejo, sobre

todo cuando no hay antecedentes relevantes. En este caso el cariotipo de la paciente con una monosomía X, permite realizar un adecuado asesoramiento familiar como una entidad ligada al X, y por otro lado explica el cuadro clínico en una mujer.

GMED 20

PACIENTE CON RETARDO MENTAL, OBESIDAD, FACIES PECULIAR Y APERTURA DEL ÁNGULO MANDIBULAR: ¿SÍNDROME DE SHASHI?

Palermo A. J.,¹ M. Morata,² R. D. Carrero Valenzuela³

¹ Colaboradora y

³ Personal de la Orientación Genética del Departamento Biomédico, Facultad de Medicina de la UNT, y

² Personal de la Cátedra de Ortodoncia, Facultad de Odontología de la UNT. San Miguel de Tucumán, Argentina. roque.carrero@gmail.com

El síndrome de Shashi o MRXS11 (OMIM 300238) es un cuadro de retardo mental ligado a Xq26-Xq27. Un varón de 8,5 años fue evaluado por retardo psicomotriz, hiperactividad, antecedentes de infecciones respiratorias frecuentes, IgE elevada y diagnóstico presuntivo de síndrome de Job. Su examen físico reveló macrocefalia, talla normal alta, obesidad, 2 vorticilos posteriores e implantación pilosa vertical anterior en cuero cabelludo, cara redonda, ojos hundidos, anti-mongoloidismo, epicanto superior bilateral, depresión rizonasal, nariz corta y aplanada con ápice relativamente bulboso, filtro relativamente largo, lengua con dos eminencias dorsales paramedianas alargadas en sentido longitudinal, labio inferior prominente y evertido, prognatismo, orejas largas a expensas de un lóbulo de 3,5 cm de longitud, primeros dedos de los pies cortos, uñas en vidrio de reloj, distrofia ungueal en los quintos dedos, erupción micropapular en superficies extensoras de ambos brazos, codos hiperextensibles, manos largas, distancia reducida entre surcos metacarpofalángicos e interfalángicos proximales, clinodactilia V bilateral, y uñas hundidas, estrechas y transversalmente hiperconvexas. La reevaluación a

los 10,4 años evidenció macroorquidismo bilateral. La madre del paciente presentó asimismo cara redonda, antimongoloidismo y uñas de las manos hundidas, estrechas e hiperconvexas. La búsqueda en la Base de Datos Dismorfológicos de Londres permitió orientar el diagnóstico diferencial hacia el síndrome de Shashi. En base a los hallazgos en la primera familia descrita, se perfeccionó la cefalometría y detectó que Rodrigo y su madre (ésta en menor grado) presentan una apertura exagerada del ángulo mandibular, lo cual replica exactamente la descripción de Shashi y colaboradores.

Este trabajo fue financiado en parte con el subsidio CIUNT 26/I403 a RCV.

GMED 21

ARTROGRIPOSIS LIGADA AL CROMOSOMA X. PRESENTACION EN UNA PACIENTE CON MONOSOMIA DEL X

Dellamea C.,¹ R. Armando,² M. P. Bidondo,² M. L. Teiber,² E. Gutiérrez,¹ C. Z. Barreiro²

¹ Hospital Pediátrico Dr. Avelino Castellán. Ciudad de Resistencia. Provincia de Chaco.

² Hospital Pediatría S.A.M.I.C. Prof. Dr. Juan P Garrahan. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. cbarreiro42@hotmail.com

Introducción: La artrogriposis es un cuadro de contracturas múltiples; puede presentarse en forma aislada o ser parte de una entidad genética. Existen cuatro tipos con herencia ligada al cromosoma X: Tipo 1: Con severas contracturas, escoliosis, hipotonía y muerte dentro del primer año de vida. Tipo

2: Menos severa, que también presenta contracturas, ptosis, microcefalia e inteligencia normal. Tipo 3: Con artrogriposis leve a moderada que mejora con el tiempo. Tipo 4: Con múltiples contracturas especialmente en miembros inferiores.

Caso: Presentamos una paciente evaluada a los 7 meses de vida por hipotonía, y retraso de crecimiento. No se mencionan antecedentes familiares de importancia. Al examen físico presenta: Facie hipomímica, micrognatia, boca entreabierta, comisuras labiales hacia abajo, paladar ojival, sindactilia cutánea en pies, debilidad muscular, artrogriposis en cuatro miembros e hipotonía. Sin signos que remeden al síndrome de Turner.

Estudios complementarios: CPK: 39 U/l, Rx de huesos largos: Osteopenia generalizada, Ecocardiograma: CIA. Ecografía Cerebral: Dos quistes de plexos coroideos, Ecografía Renal: Quiste solitario de riñón derecho. Riñón izquierdo displásico.

Cariotipo: 45, X.

Por las características fenotípicas de la paciente y su compromiso se plantea la hipótesis diagnóstica de artrogriposis ligada al X tipo I.

Comentario: Existen casos esporádicos, pero también se describen casos intrafamiliares. El asesoramiento es complejo, sobre todo cuando no hay antecedentes relevantes. En este caso el cariotipo de la paciente con una monosomía X, permite realizar un adecuado asesoramiento familiar como una entidad ligada al X, y por otro lado explica el cuadro clínico en una mujer.

Comunicaciones libres: Citogenética humana

CH 1

TRANSLOCACIÓN FAMILIAR T(17;19)
(P13.3;Q13) SEGREGADA A TRAVÉS DE 4
GENERACIONES

Casali B.,¹ A. Boywitt,¹ M. C. Fernández,² R. De
Bellis, C. Arberas,² A. M. Tello,² G. del Rey¹

¹ Laboratorio de Citogenética Humana, División de
Endocrinología. CEDIE-CONICET. bcasali@yahoo.es

² Sección de Genética Humana. Hospital de Niños
"Ricardo Gutiérrez" Buenos Aires.

Las translocaciones recíprocas balanceadas resultado de intercambio recíproco de segmentos entre cromosomas no homólogos tienen una incidencia poblacional de 1:500 RN. Generalmente los portadores presentan fenotipos normales y tienen riesgo de descendencia anómala por mayor posibilidad de formar gametas cromosómicamente desbalanceadas.

Presentamos una familia portadora de t(17;19)(p13.3;q13.33) cuyo pedigree en 4 generaciones y según el modo de segregación dio lugar a 2 individuos cromosómicamente normales, 4 portadores balanceados y 3 afectados con trisomía parcial 19q y monosomía parcial 17p.

Un varón no estudiado presentó problemas de esterilidad.

Materiales y Métodos: Paciente GR: niña con RM y leve dismorfias. PC: (-1SD), T: (-2.5SD). Dismorfias craneofaciales: frente amplia, ojos con inclinación hacia arriba, labios carnosos. Manos y pies con dedos anchos y cortos. Madre de GR: con RM. PC: (-1.5SD), T: (-4.5SD). Frente amplia, ojos de inclinación hacia arriba, labios finos, cuello ancho. Manos y pies con dedos cortos. Paciente ST: niña con RM, microcefalia y dismorfias. T: (-3SD). Frente amplia, ojos de inclinación hacia arriba, labios gruesos. Pies con orfejos cortos. Estudios cardiovasculares, auditivos y oculares normales. Ecografía cerebral normal.

Resultados: El cariotipo de las tres afectadas fue: 46,XX,der(17)t(17;19)(p13.3;q33.33) heredado de translocación parental.

Conclusión: La translocación se segregó de modo alternante y adyacente-1 manteniendo en las cuatro generaciones individuos portadores balanceados y afectados. La segregación adyacente-1 favoreció la viabilidad de la gameta cromosómicamente menos desbalanceada. En tres generaciones de esta familia se presentó descendencia desbalanceada viable independientemente del origen parental de la translocación.

CH 2

DESCRIPCION DE UN CROMOSOMA
PHILADELPHIA VARIANTE EN UN
PACIENTE CON LEUCEMIA MIELOIDE
CRÓNICA

Gutiérrez L. G.,¹ A. Rolón,¹ A. M. Melnichuk,¹ A. S.
Fenocchio^{1,2}

¹ Laboratorio de Citogenética y Genética Humana,
Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales,
Universidad Nacional de Misiones en convenio
con el Instituto de Previsión Social de la Provincia
de Misiones.

² Cátedra de Citogenética General, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. crebero77@hotmail.com

El cromosoma Philadelphia (Ph1) derivado de la translocación recíproca entre los cromosomas 9 y 22; t(9;22)(q34;q11) resulta en una fusión de los genes BCR/ABL sobre el cromosoma 22 derivado. Alrededor de un 90% de los pacientes con Leucemia Mieloide Crónica (LMC) presenta el cromosoma Ph1 como alteración citogenética característica. En un 5-10% de los pacientes, el Ph1 se origina a partir de translocaciones variantes en las que pueden existir otros cromosomas implicados. Todas ellas, son alteraciones complejas que involucran el mismo rearrreglo molecular. El objetivo del presente trabajo

fue realizar la descripción de un caso de LMC cuyo diagnóstico citogenético se llevó a cabo mediante Bandas G, sobre metafases obtenidas de cultivos celulares de médula ósea de un paciente masculino de 48 años de edad, en el que se observó un cromosoma Ph1 variante, originado de una translocación compleja que involucra a los cromosomas 3, 9 y 22 ($t(3;9;22)(p21,q34;q11)$). De las translocaciones variantes, la $t(3;9;22)$ es la más frecuentemente descrita, siendo el punto de ruptura 3p21. No obstante y de acuerdo con la literatura, la naturaleza genéticamente compleja de estos rearrreglos no confiere ningún impacto en el fenotipo o en el pronóstico, si se lo compara con el Ph1 estándar. Debido a que todos los clones analizados en el paciente presentaron el Ph1 variante como única anomalía, sin otras que sugieran más de un evento clonal, se propone que el mismo es el resultado de tres rupturas simultáneas en una misma célula y no de un proceso en múltiples pasos.

Agradecimientos: al CEDIT (Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica de la Provincia de Misiones), por la Beca otorgada a Leandro Gutiérrez.

CH 3

TRISOMIA PARCIAL 6P Y MONOSOMIA 15Q HEREDADOS DEL REARREGLO CROMOSOMICO COMPLEJO PATERNO: $T(6;18;15)(P21.3;Q11.2;Q26.1)$

Alú M. F.,¹ J. A. Herrera,² M. P. Bidondo,³ C. C. Picón,⁴ C. A. Dellamea, E. G. Torales,⁵ C. Z. Barreiro,³ M. Gallego²

¹ A.N.L.I.S "Dr. Carlos G. Malbrán". Centro Nacional de Genética Médica. feraluar@yahoo.com.ar

² Laboratorio de Diagnóstico Citogenético. Hospital Nacional de Pediatría "Prof. Dr. Juan P. Garrahan".

³ Servicio de Genética. Hospital Nacional de Pediatría "Prof. Dr. Juan P. Garrahan".

⁴ Hospital Pediátrico "Dr. Avelino L. Castelan", Resistencia, Pcia del Chaco.

⁵ Hospital "9 de Julio", Saenz Peña, Pcia del Chaco.

Los rearrreglos cromosómicos complejos (RCC) se originan cuando tres ó cuatro rupturas independientes ocurren en dos ó más

cromosomas y los segmentos resultantes se reúnen al azar formando cromosomas derivados. Los RCC son poco frecuentes, ocurren preferentemente durante la espermatogénesis y se transmiten durante la ovogénesis. Los portadores sufren abortos recurrentes o infertilidad masculina; mientras que, la descendencia suele presentar retardo mental y anomalías congénitas.

Caso Clínico: paciente de sexo femenino evaluada a los 11 meses de edad con retardo de crecimiento pre- y postnatal, dismorfias faciales, retardo madurativo, hipotonía y cardiopatía congénita. El análisis citogenético convencional con bandeado G en linfocitos de sangre periférica, mostró el cariotipo: 46, XX, der(15) $t(6;18;15)(p21.3;q11.2;q26.1)$ pat, der(18) $t(6;18;15)(p21.3;q11.2;q26.1)$ pat. Los cariotipos parentales fueron: Madre: 46, XX y Padre: 46, XY, $t(6;18;15)(p21.3;q11;q26.1)$.

De los estudios realizados se concluye que la paciente presenta un cariotipo desbalanceado con trisomía parcial 6p21.3?pter y monosomía parcial 15q26.1?qter, heredado de una anomalía cromosómica estructural compleja paterna. El hallazgo citogenético detallado es el resultado de una segregación 3:3 adyacente-1, modo de segregación más frecuente observada en los portadores de RCC.

De más de 130 casos reportados con RCC al 2008, sólo 12 fueron individuos de sexo masculino fértiles. Por ende el caso clínico presentado es relevante, tanto por los cromosomas involucrados y sus respectivos puntos de ruptura, como por los hallazgos citogenéticos y el fenotipo resultante. Estos datos son de suma importancia en el asesoramiento genético de parejas portadoras de RCC.

CH 4**SÍNDROME DE ANEUPLOIDÍA VARIEGADA EN MOSAICO UN RECIÉN NACIDO POLIMALFORMADO**

Furforo L.,¹ N. Mazzitelli,² C. Hernandorena,² D. Biscochea,¹ M. Rittler¹

¹ Sección Genética Médica, Hospital Materno Infantil Ramón Sardá, Buenos Aires, Argentina.

² Unidad Anatomía Patológica, Hospital Materno Infantil Ramón Sardá, Buenos Aires, Argentina.

El síndrome de aneuploidía variegada en mosaico (MVA) consiste en la presencia de múltiples trisomías y monosomías, en general asociadas a un fenotipo clínico caracterizado por microcefalia, anomalías menores, baja mortalidad perinatal y riesgo aumentado de neoplasias. Su etiología sería una mutación autosómica recesiva en el gen BUB1B que codifica para una proteína fundamental para mantener la estabilidad del huso mitótico.

El objetivo de este trabajo es presentar a un recién nacido, fallecido al nacimiento, con múltiples dismorfias, malformaciones observadas por autopsia, diagnóstico citogenético de MVA y discutir las posibles causas de las diferencias entre este y otros casos de la literatura.

La niña fue producto del primer embarazo de una pareja joven, no consanguínea, sin antecedentes familiares relevantes con sospecha de craneosinostosis por ecografía prenatal.

Al examen físico presentó: microcefalia con cráneo braqui-turricéfalo, sinostosis coronal y lambdoidea, microftalmía bilateral, microtia y signos de virilización de genitales externos.

En la autopsia se observaron múltiples depresiones redondeadas en la cara interior de la calota; hipoplasia de lóbulos frontales del cerebro; hipoplasia pulmonar; estrechez laríngea; hiperplasia tiroidea, endócrina pancreática y cortical adrenal difusa y encefalopatía perinatal. Placenta del tercer trimestre, inmadurez vellosa difusa. Villitis crónica multifocal con vellosidades avasculares.

Cariotipo: 47,XX,+19[42]/46,X,i(X)(q10)[1]/48,XX,+8,+19[1]/48,XX,

+18,+19[1]/45,XX,-8[1]/46,XX[54]

La alta frecuencia de células aneuploides, fundamentalmente la de trisomía 19, indica un probable origen precoz de esta anomalía, lo que podría explicar las diferencias clínicas y la muerte temprana de nuestra paciente. El hallazgo de una aneuploidía en mosaico, sobre todo si no es de las habitualmente encontradas, es indicación para descartar la presencia de otras aneuploidías, es decir del síndrome de MVA, cuyo diagnóstico es de relevancia clínica por el alto riesgo de recurrencia que implica.

CH 5**TRISOMÍA 10Q, PRODUCTO DE UNA DELECIÓN INSERCIÓN INVERTIDA DEL CROMOSOMA 10 MATERNO**

López Miranda L. A., E. Gil, M. N. Poli, G. J. Zanier, J. H. M. Zanier

Asociación de Genética Humana (AGHU). Mar del Plata. Argentina. lucialopezmiranda@yahoo.com.ar

Presentamos un paciente que concurre a la consulta con diagnóstico de retardo madurativo. Hijo de padres no consanguíneos producto de un sexto embarazo de curso normal, nacido de 37 semanas por cesárea, PN 2.450 gr.

Al examen físico presento: talla(-4Ds), peso(-3Ds), facie peculiar con cara redonda, ojos pequeños, hendiduras palpebrales cortas, telecanto, puente nasal deprimido, narinas antevertidas, protusión lingual; genitales con escroto hipoplásico y criptorquidia unilateral. Presenta además ureteropielectasia bilateral con reflujo vesicoureteral grado V, anillo vascular traqueal.

Se realizó estudio cromosómico con la técnica de bandeado G en el niño y los padres. Dando por resultado en nuestro paciente 46,XY,10p+, el cariotipo paterno fue normal y el cariotipo materno mostró una delección inserción invertida paracéntrica del 10q. Se realizó FISH con las sondas de ADN molecular específica para 10ptel (locus: D10S2490) y 10qtel (locus: D10S2290) sobre extendidos de cultivo de linfocitos de sangre periférica en el niño. Dando como resultado

46,XY,ishdel(10)(10ptel10ptel)(D10S2490-),add(10)(10qtel)(D10S2290+)[110]. Por lo tanto el cariotipo se interpretó como: 46,XY,der(10)(10q24::p14 qter).

Podemos inferir que en nuestro paciente la deleción involucra a la región crítica 10(q24.1) descrita en la literatura por presentar rasgos clínicos como la pielectasia ureteropélvica bilateral asociada a la duplicación del gen NFkB2 responsable de estas malformaciones.

CH 6

DELECIÓN TERMINAL DEL CROMOSOMA 15 (Q26-QTER) IMPLICANDO AL RECEPTOR IGF TIPO 1 (IGF-1R) ASOCIADO CON SEVERO RETARDO DE CRECIMIENTO Y FENOTIPO PECULIAR

del Rey G.,¹ M. Gutierrez,² V. Figueroa,² I. Fernandez,² A. Boywitt,¹ R. De Bellis,¹ O. Brunetto,² R. Coco³

¹ Centro de Investigaciones Endocrinológicas, CEDIE-CONICET. División de Endocrinología. Hospital de Niños "Ricardo Gutierrez".

graciadelrey@cedie.org.ar

² Sección de Genética, Servicio de Endocrinología, Hospital de Niños "Pedro de Elizalde".

³ Instituto de Medicina Reproductiva-Fecunditas. Buenos Aires.

El receptor IGF-1R (15q26.3) es mediador de la acción de IGFs (Factor de Crecimiento insulínico tipo 1 y 2). Las deleciones 15qter se asocian con retardo de crecimiento intrauterino, talla baja, microcefalia, retardo mental y dismorfias.

Presentamos clínica y citogenéticamente dos niños con severo retardo de crecimiento, dismorfias y monosomía 15qter.

Paciente 1: Edad actual:35a. Talla:-4DS. A los 9.6a.T:115cm(-5DS). Al examen: Microcefalia, facies peculiar, orejas grandes, aorta bicúspide, hipospadias balano-prepucial, surco suprapeneano, criptorquidia, clinodactilia del 5to ortejo, 1er ortejo corto, dificultad para la supinación, hipotrofia muscular. Retardo mental.

Paciente 2: Edad:5m. TN:41cm(-5.3DS). Al examen: Peso:4750g(-3.46DS). T:53cm(-

(5.56DS). PC:38.5cm(Pc<3). Cuello corto y ancho, puente nasal elevado, ojos hundidos-hendidura palpebral estrecha, philtrum saliente, boca de comisuras hacia abajo y labio superior en carpa, micrognatia, dientes en mal estado, orejas bajas displásicas con pliegue extra en fosita navicular, tórax ancho con mamilas separadas y bajas. Manos: clinodactilia 5° dedo y pliegue transversal único en mano derecha. Pies chicos con talón procidente, 2° ortejo antepuesto y 3° más largo. Criptorquidia. Hipoplasia renal derecha. Retraso madurativo con retraso significativo en la adquisición del lenguaje. IGF1 e IGFBP3 Pc50. Antecedente de una hermana fallecida con malformaciones y dos tíos paternos con talla baja y retardo mental.

Resultados: Paciente 1 mostró mosaicismo de cromosoma 15 en anillo: 46,XY,r(15)(p11q26)/ 46,XY,dic r(15)(p11q26p11q26)/ 47,XY,r(15)(p11q26)x2

Cariotipos parentales normales.

Paciente 2 evidenció deficiencia parcial 15qter y duplicación 4qter. Cariotipo: 46,XY,der(15)t(4;15)(q32;q26.1) heredada de su padre portador de t(4;15) balanceada.

Las anomalías estructurales del cromosoma 15 presentes en ambos pacientes resultaron en monosomía 15q26.1-qter implicando expresión de una sola copia de IGF-1R, haploinsuficiencia de genes relacionados con el crecimiento y fenotipo característico.

CH 7

SÍNDROME 48,XXYY: DESCRIPCIÓN FENOTÍPICA Y EVALUACIÓN DEL CARIOTIPO, A PROPÓSITO DE DOS NUEVOS CASOS

Boywitt A.,¹ C. Arberas,² M.J. Guillamondegui,² R. De Bellis,¹ M.C. Fernández,² A. Tello,² G. del Rey¹

¹ Laboratorio de Citogenética, División Endocrinología, CEDIE-CONICET. boywitta77@yahoo.com.ar

² Servicio de Genética Médica. Hospital de Niños "Ricardo Gutierrez", Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

El síndrome 48,XXYY presenta fenotipo inusual característico y es reconocido como una entidad clínica específica caracterizado

por talla alta, hábito eunucoide, facie alargada con mentón prominente, obesidad troncal, hipogonadismo y ginecomastia. Todos presentan retraso psicomotor con un patrón conductual particular. Se corresponde citogenéticamente con aneuploidía de los cromosomas sexuales.

Incidencia: 1:50000 RN.

Objetivo: Presentar dos nuevos casos de esta entidad clínica-cromosómica, sus aspectos fenotípicos, citogenéticos y conductuales característicos.

Materiales y métodos: Se reportan dos jóvenes no emparentados, derivados por presentar retraso psicomotor y trastornos conductuales. Al examen físico ambos presentaron talla alta, facies alargadas con mentón prominente, malares chatos, paladar alto. Uno de ellos operado de criptorquidia unilateral y el otro presentó hipogonadismo. Se realizaron estudios citogenéticos de alta resolución.

Resultados: Se estableció en ambos pacientes un cariotipo tetrasómico por disomía del cromosoma X y disomía del cromosoma Y, en las 50 células analizadas. Cariotipo: 48,XXYY.

Se interpretó como mecanismo más probable de origen al resultado de dos sucesivas no disyunciones, en Meiosis I y Meiosis II durante la gametogénesis paterna, tal como está descrito en la mayoría de los casos previamente documentados.

Conclusión: Los signos clínicos más relevantes presentes en ambos pacientes sugirieron el diagnóstico clínico del síndrome 48,XXYY. La pesquisa de la anomalía cromosómica confirmó el diagnóstico diferencial con otras entidades génicas y cromosómicas, permitiendo realizar una correlación clínica-cromosómica propia del mismo. Se destaca la importancia de documentar estos dos nuevos casos cuyos aportes clínicos y citogenéticos contribuyen a delinear e incrementar la casuística del síndrome XXYY.

Comunicaciones libres: Docencia

D 1

EL DESARROLLO DE UN MODELO SOBRE LA BASE DE LA PRÁCTICA CLÍNICA: LA GENÉTICA EN LA ATENCIÓN PRIMARIA

Bidondo M. P.,¹ E. Acevedo,¹ F. De Castro,¹ C. Dellamea,² J. A. Garrido,¹ E. Gutiérrez,² A. Luna,¹ C. Picón,² M. V. Torrado,¹ E. K. Torres,² C. Z. Barreiro¹

¹ Hospital Pediatría S.A.M.I.C. Prof. Dr. Juan P Garrahan. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. cbarreiro42@hotmail.com

² Hospital Pediátrico Dr Avelino Castellan. Ciudad de Resistencia. Provincia de Chaco.

CAPABILITY es un proyecto de tres años (2007-2009) desarrollado conjuntamente por EuroGentests's y expertos de Argentina, Egipto, y Sudáfrica. Presentamos los resultados preliminares en Argentina donde la demostración del modelo CAPABILITY se realiza en la provincia del Chaco, que tiene alta población endogámica y que carece de servicios de genética.

Objetivos: Posibilitar la atención en genética usando como recurso la capacitación al Equipo de salud; actualizar mediante la vinculación con un Centro de Referencia y amplificar el efecto con la formación de docentes locales.

Materiales y métodos: Planificación: Construcción de un marco lógico válido en educación a distancia y para capacitación en lugares de trabajo intensivo; Relevamiento del recurso humano sanitario y de los conocimientos previos en genética.

Implementación: Diseño e impresión de material educativo; Jornadas en zonas sanitarias I, II, V; Recepción de interconsultas luego de las jornadas. En curso: Formación de nuevos docentes. Capacitación en restantes zonas sanitarias.

Resultados: Los profesionales de salud aprendieron a reconocer factores de riesgo y dismorfias; a través de seminarios de integra-

ción con casos clínicos y experiencia en consultorio docente, traduciéndose en un incremento del número de interconsultas comparando año 2007 con año 2008.

Conclusiones: Hasta la fecha el modelo ha permitido cumplir con la meta especificada. El incremento de interconsultas generó la necesidad de instalar un laboratorio de citogenética en Chaco financiado por el Hospital Garrahan. La Comisión Nacional de Genética del Ministerio de Salud ha elegido 4 provincias del noroeste para reproducirlo.

D 2

¿EXISTE UNA ÚNICA GENÉTICA GENERAL? COMPARACIÓN DE DOS CURSADAS EN CARRERAS CON DIFERENTES ORIENTACIONES

Defacio R., R. D. Lorea, L. Appendino, G. R. Pratta
Departamento de Ciencias Básicas y Experimentales, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA). Junín/Pergamino, Pcia. de Buenos Aires. gpratta@unnoba.edu.ar

En la mayoría de las carreras universitarias con orientación Biológica, Genética es una asignatura central del Ciclo Básico debido a su papel unificador. En UNNOBA se dictan las carreras Ingeniería Agronómica (IA, en las sedes Junín y Pergamino) y Licenciatura en Genética (LG, en sede Pergamino), perteneciendo Genética General al Tercer Año de IA y Genética I al Segundo de LG. Ambas materias incluyen como contenidos conceptuales: El material hereditario, Las leyes de Mendel y sus alteraciones, Genética de Poblaciones y Genética Cuantitativa, y han estado a cargo del mismo equipo docente durante años previos. Dado que la incumbencia profesional de IA es predominantemente aplicada y la de LG básica, la gran relevancia de Genética Humana en LG respecto a IA y la distinta posición relativa de ambas materias dentro de cada carrera, el

equipo docente decidió llevar adelante de distinto modo el desarrollo de las asignaturas. Los objetivos de este trabajo son presentar los lineamientos generales seguidos, comparar a través de índices cualitativos y cuantitativos el rendimiento de los alumnos y el grado de satisfacción docente respecto a los resultados obtenidos y enmarcar institucionalmente la labor docente. Se concluye que los logros pedagógicos en relación a la planificación y ejecución de los contenidos, la adquisición de conocimientos por parte de los alumnos y la satisfacción de los docentes fueron diferentes entre la cursada en IA y LG (e incluso entre ambas sedes en IA), estando los parámetros evaluados muy afectados por decisiones institucionales que repercuten sobre la labor docente.

D 3

INNOVACIONES PEDAGÓGICAS EN UN CURSO DE MEJORAMIENTO GENÉTICO

Marcellán O. N., J. Lúquez, F. Castaño

Asignatura Mejoramiento Genético. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Pcia. de Buenos Aires.

omarcellan@balcarce.inta.gov.ar

El curso de Mejoramiento Genético para alumnos de Ingeniería Agronómica de la Facultad de Ciencias Agrarias (UNMDP) se desarrolla a través de clases teóricas magistrales y trabajos prácticos (TP) que consisten en salidas a campo y resolución de problemas en el aula. En las diferentes cohortes, los docentes hemos observado falta de interés de los estudiantes. Con el objetivo de modificar esta situación, hemos implementado dos innovaciones pedagógicas: (a) exposición oral de un instructivo de abordaje al TP por parte del docente enfatizando los objetivos, (b) estudios de casos y/o bibliografía adicional discutidos grupalmente y puestos en común en los TP sobre: (b1) contenidos específicos de la asignatura y (b2) diferentes contenidos expuestos a lo largo del curso. Se evaluaron estas innovaciones con una encuesta anónima que puso de manifiesto que: (a) el instructivo de abordaje comentado antes de

cada TP resultó útil para el 98,73% de los estudiantes; (b) la práctica consistente en discusiones grupales y posterior puesta en común: (b1) resultó útil para el 95,2% de los estudiantes por posibilitar una mayor comprensión del tema (54,54%), por conocer la estructura de un trabajo de investigación (22,22%), por promover la participación en la discusión (20,20%) y por la búsqueda de bibliografía (3,04%); y (b2) resultó útil para el 92,44% de los estudiantes al aplicar los conocimientos aprendidos en ejemplos prácticos (35,4%), al facilitar la integración de los conocimientos (30%), al promover la discusión de las diferentes metodologías usadas en los trabajos (20,9%) y al valorar el trabajo grupal (13,65%). En base a estos resultados, estas prácticas serán adoptadas en los próximos cursos.

D 4

ESQUEMAS ALTERNATIVOS DE EVALUACIÓN PARA DISMINUIR EL TIEMPO ENTRE EL EXAMEN FINAL Y LA REGULARIZACIÓN DE LA ASIGNATURA GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

Baltian L. R.,¹ D. A. Peratta,¹ M. D. Olivares¹

Cátedra de Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLPam.

lbaltian@speedy.com.ar

El promedio anual de inscriptos en la asignatura Genética y Mejoramiento Animal de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la UNLPam es de 83 alumnos. El método de regularización implementado por la cátedra consiste en la aprobación de exámenes parciales que requieren la resolución de problemas.

En las cursadas realizadas entre los años 2004 y 2006 se observó un bajo porcentaje de alumnos que se presentaba a rendir la asignatura en forma inmediata luego de la regularización. Asimismo también se detectaron falencias en la integración de la parte práctica con la teórica al momento de la evaluación final.

Con el objetivo de resolver los inconvenientes citados se implementó en el ciclo 2007 un esquema de evaluación final en don-

de el alumno debe resolver satisfactoriamente un tema de la parte práctica, elegido en forma aleatoria, para luego pasar al examen oral donde se evalúan los contenidos teóricos y su vinculación con la práctica. Entre los años 2007 y 2008 el número de alumnos regularizados que se presentó a rendir examen final aumentó un 14 %.

Si bien es reciente la implementación de esta estrategia didáctica puede concluirse a priori que con el mecanismo propuesto se logró convocar a un mayor número de alumnos a rendir examen final inmediatamente después de la regularización, con mejores resultados, quizá motivados por la necesidad de aplicar los conocimientos adquiridos en la práctica de la cursada. En contrapartida se observó que los alumnos que acumulan más tiempo entre la regularización y el examen final son los que menores resultados académicos obtienen.

D 5

CAPACITACIÓN DE ALUMNOS DEL POLIMODAL EN FACTORES DE RIESGOS Y MEDIDAS DE PREVENCIÓN PRIMARIA DE LOS DEFECTOS CONGENITOS

Abdala M. E., S. Fontenla de Petrino, A. M. Cena
Cátedra de Biología de la Facultad de Medicina,
Universidad Nacional de Tucumán, Pcia. de Tucumán.
mirtaal@tucbbs.com.ar

Se estima que el 5% de los nacidos vivos presentan algún defecto congénito que va a afectar su salud, crecimiento y/o desarrollo. Es necesario sensibilizar y educar a la po-

blación. En el marco del Proyecto: Prevenir es sinónimo de salud y calidad de vida del Programa Nacional de Voluntariado Universitario 2008-2009, se plantea actividades docentes en prevención primaria de las malformaciones congénitas, que en nuestra provincia constituyen la primera causa de mortalidad infantil (19,78%).

Objetivos: Formar y capacitar a los estudiantes de Medicina voluntarios y estudiantes adolescentes del Polimodal en Factores de riesgos y estrategias de prevención de las malformaciones congénitas.

Metodología: Las actividades se desarrollarán en la Cátedra de Biología y en las escuelas (Santa Catalina de Siena y Dean Funes), con talleres continuos en factores de riesgos y estrategias de prevención de malformaciones congénitas y una Jornada escolar y comunitaria.

Resultados: Se realizaron 4 seminarios-taller para capacitar 13 voluntarios, con planificación y elaboración junto a los docentes del material de apoyo para los talleres y jornada. Formaron a 130 estudiantes en 4 talleres y diseñaron las actividades y folletería para la comunidad según las enseñanzas recibidas por el equipo docente y estudiantes de Medicina. Jornada escolar con demostración de lo aprendido.

Conclusiones: Se espera desarrollar conciencia social, convertirlos en operadores y multiplicadores de prevención en la comunidad educativa, familiar y social. Colaborar con el programa del nivel Polimodal. Disminuir los riesgos de ocurrencia y las muertes perinatales evitables.

Índice de resúmenes

Conferencias

FELIZ CUMPLEAÑOS DARWIN	13
Néstor O. Bianchi	
DETERMINACIÓN DEL SEXO Y CROMOSOMAS SEXUALES EN INSECTOS	13
Papeschi A. G.	
GENETICA MOLECULAR EN CAMÉLIDOS	14
L. Arbeletche de Vidal Rioja	
EVOLUÇÃO CROMOSSÔMICA EM <i>CITRUS</i> REVELADA POR DIFERENTES SONDAS MOLECULARES	14
Marcelo Guerra	
MEJORAMIENTO GENETICO EN ABEJAS	14
A. Palacio	
STEM CELLS FOR REGENERATIVE MEDICINE: CHARACTERISTICS, POTENTIAL AND EMERGING SOURCES	14
Ornella Parolini, E. Menni	
DESCUBRAMOS LA VARIABILIDAD OCULTA EN EL GERMOPLASMA SILVESTRE	15
Elsa Gilardón	
TRATAMIENTO PSICOFARMACOLOGICO Y FARMACOGENETICA DE POBLACIONES IBEROAMERICANAS	15
Adrián Llerena	
CITOGÉNÉTICA DEL CÁNCER	16
Peter Ambros	
AVANCES ARGENTINOS EN BIOTECNOLOGÍA	16
Dr. Criscuolo	

Simposio: Ganado caprino

MEJORAMIENTO GENÉTICO EN LECHERÍA CAPRINA, DÓNDE ESTAMOS Y HACIA DÓNDE VAMOS	19
Maizon D.O.	
MEJORAMIENTO GENÉTICO EN SISTEMAS DE PRODUCCIÓN DE CARNE CAPRINA	19
Lanari, M. R.	

Simposio: Docencia en genética

LA LICENCIATURA EN GENÉTICA DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE MISIONES:
ANÁLISIS RETROSPECTIVO Y PROYECCIONES EN EL ESCENARIO ACTUAL 20

Pastori M. C.

LA RESOLUCIÓN DE PROBLEMAS COMO ESTRATEGIA DIDÁCTICA 20

Pantuso, Francisco Santos

APRENDER Y ENSEÑAR EN ENTORNOS VIRTUALES 21

Echeverría M. I., M. L. Echeverría, J. Ramirez, A. Mampel, D. Marzese, A. L. Vargas

Simposio: Mejoramiento en camélidos

..... 23

Simposio: Mejoramiento genético en plantas del Noroeste Argentino

APROXIMACIÓN BIOTECNOLÓGICA INTEGRADA PARA UN MANEJO SUSTENTABLE
DEL ESTRÉS BIÓTICO EN FRUTILLA (*FRAGARIA X ANANASSA*) 24

Salazar S. M., J. C. Díaz Ricci, M. E. Arias, D. S. Kirschbaum, A. P. Castagnaro

PROGRAMA DE GENÉTICA Y MEJORMIENTO DE TOMATE DE LA UNIVERSIDAD
NACIONAL DE SALTA 24

Elsa Marta Gilardón, Viviana Broglia, Mariana Pocoví, Graciela Caruso, Carmen Hernández,
Cristina Bonomo

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CAÑA DE AZÚCAR. LA EXPERIENCIA EN
LA CHACRA EXPERIMENTAL AGRÍCOLA SANTA ROSA, SALTA 25

Fernández de Ullivarri, R., M. I. Issa Joya, A. M. Rago, Y. A. Spedaletti, M. Gómez,
G. I. Sierra

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ESPECIES FORESTALES NATIVAS DE LAS YUNGAS:
GÉNERO *CEDRELA* 25

Grignola, J., Fornes, L., Gallo L.

Simposio: Genética y discapacidad

REFLEXIONES DE UN GENETISTA CLÍNICO ACERCA DE SU PRACTICA COTIDIANA
EN EL ÁMBITO DE UN HOSPITAL PEDIÁTRICO DE LA CIUDAD DE BUENOS AIRES 27

Catalina Patricia Kaminker

Simposio: Mejoramiento genético en soja

..... 28

Simposio: Terapia génica

TERAPIA GÉNICA ANTITUMORAL: USO DE ADENOVIRUS ONCOLÍTICOS
EN CÁNCER COLORRECTAL 29

Dra. Cafferatta

TERAPIA GÉNICA CON OLIGONUCLEÓTIDOS ANTISENTIDO PARA LA DISTROFIA
MUSCULAR DE DUCHENNE 30

Dra. Verónica Ferreiro

TERAPIAS POSIBLES EN LIPOFUSCINOSIS CEROIDEAS NEURONALES 30

Prof. Dra. Inés Noher de Halac

Simposio: Evolución

DARWIN, PATAGONIA, Y CONCEPTOS DARWINIANOS EN LA BIOLOGÍA EVOLUTIVA
ACTUAL 32

Rolando González-José

LA RECONSTRUCCIÓN FILOGENÉTICA Y EL DESAFÍO DE LOS CARACTERES
MOLECULARES 32

Confalonieri V. A.

APORTES DEL MODELO DE *DROSOPHILA* A LA TEORÍA DE LA SELECCIÓN NATURAL 33

Julián Mensch

Taller: Porfiria y porfirinas

BIOQUÍMICA, CLÍNICA, ETIOPATOGENIA Y TRATAMIENTO DE LAS PORFIRIAS 36

Parera V. E.

GENÉTICA DE LAS PORFIRIAS 36

Rossetti M. V.

DISTRIBUCION DE LAS PORFIRIAS EN ARGENTINA 37

Melito V. A.

Comunicaciones libres: Genética y mejoramiento vegetal

GMV 1

- HEREDABILIDAD DE LA FECHA DE FLORACIÓN EN FAMILIAS DE MEDIOS
HERMANOS DE RAIGRÁS ANUAL EVALUADAS EN DOS AMBIENTES 41
Ré A. E., M. S. Monteverde, M. Acuña, I. Varea, A. Andrés, J. P. De Battista

GMV 2

- EVALUACIÓN QUÍMICA Y AGRONÓMICA DE NUEVO GERMOPLASMA DE MAÍZ
PARA USOS ESPECIALES 41
Corcuera V. R., E. M. Salmoral, M. Kandus, J. C. Salerno

GMV 3

- EXPRESIÓN DEL TRANSGEN SARK-*ipt* EN ALFALFA PARA RETRASAR LA
SENESCENCIA FOLIAR 42
Beltrán V. M., E. M. Pagano, M. C. Gómez, R. D. Ríos, E. Blumwald, F. Ardila

GMV 4

- CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE CULTIVARES DE YERBA MATE
(*ILEX PARAGUARIENSIS* A. ST.-HIL.) MEDIANTE MARCADORES AFLPS 42
Etchart V. J., A. C. Pereyra, SD Prat Kricun, D. G. Díaz

GMV 5

- CARACTERIZACION DE FAMILIAS DE TEBOL ROJO POR VIGOR DE
CRECIMIENTO INICIAL 43
Varea I., M. Acuña, O. Scheneiter, A. Andres

GMV 6

- TRITICALE: TAMIZADO DE LÍNEAS CON APTITUD GRANIFERA 43
Ganum Gorriz M. J., V. Ferreira, E. Grassi, E. Castillo, A. Ferreira

GMV 7

- TRICEPIRO: COMPORTAMIENTO PRODUCTIVO Y ESTABILIDAD DE LÍNEAS AVANZADAS ... 44
Castillo E., A. Ferreira, E. Grassi, H. Paccapelo, V. Ferreira

GMV 8

- INCORPORACIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA DEL TRIGO,
MEDIANTE RETROCRUZAS ASISTIDAS POR MARCADORES Y “FINGERPRINTING”
DEL PADRE RECURRENTE 44
López M. V., Lamuedra S., Ingala L. R., Mercante V., Pergolesi M. F., Sacco F.

GMV 9

- APTITUD PARA SILAJE DE PLANTA ENTERA DE MAÍZ (*ZEА MAYS* L.): EVALUACIÓN
DEL COMPORTAMIENTO EN CRUZAS DE POBLACIONES NATIVAS CON LÍNEAS
DE TIPO COLORADO DURAS Y DENTADAS 45
Incognito S. J. P., C. G. López, L. M. Bertoia, G. H. Eyhérbide

GMV 10

DESARROLLO DE MARCADORES DE AFLP Y ESTABLECIMIENTO DE UNA POBLACIÓN DE MAPEO EN *ILEX PARAGUARIENSIS* (YERBA MATE) 45

Stein J., R. Rebozzio, C. Luna, F. Espasandín, F. Espinoza, J. P. A. Ortiz, P. Sansberro, S. Pessino

GMV 11

VARIABILIDAD GENÉTICA Y CORRELACIÓN EN POBLACIONES F₂ DE SOJA CON CARACTERES PARA CONSUMO HUMANO 46

Bologna S. B., E. Rojas, D. O. Soldini, D. L. Martínez Álvarez, V. S. Perlo

GMV 12

CARACTERIZACIÓN DE UNA RETROCRUZA DE UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE POR ATRIBUTOS POSCOSECHA DE LOS FRUTOS 46

Pereira da Costa J. H., G. R. Rodríguez, G. R. Pratta, R. Zorzoli, L.A. Picardi

GMV 13

NUEVOS MARCADORES ASOCIADOS A LA APOMIXIS EN *PASPALUM NOTATUM* 47

Rebozzio R. N., C. L. Quarín, F. Espinoza

GMV 14

RESPUESTA AL CULTIVO *IN VITRO* DE LOS CLONES DE ÁLAMO (*POPULUS SP.*) 'CONTI 12' Y 'RAGONESE 22 INTA' 47

Guariniello J., M. R. Garay, R. D. Ríos, A. L. Basso

GMV 15

VARIANCIAS ADITIVAS PARA EL DESARROLLO SIMULTANEO DE MAZORCAS EN UNA POBLACIÓN DE MAÍZ (*ZEAMAYS*, L) COLORADO DURO PROLÍFICA 48

Lorea, R. D., G. H. Eyhérabide, D. A. Presello

GMV 16

EVALUACIÓN DE DOS CICLOS DE SELECCIÓN RECURRENTE RECÍPROCA DE HERMANOS COMPLETOS EN COMPUESTOS PRECOCES DE MAÍZ (*ZEAMAYS*, L) 48

Rossi P., R. D. Lorea, L. M. Appendino, G. H. Eyhérabide, D. A. Presello

GMV 17

DIFERENCIAS MORFOFISIOLÓGICAS ENTRE CULTIVARES DE MOHA [*SETARIA ITALICA* (L.) P. BEAUV.] DE ARGENTINA Y DE OTROS ORIGENES 49

Rimieri P., B. Rosso, J. G. Velazco

GMV 18

AVANCES EN LA OBTENCIÓN DE PLANTAS TRANSGÉNICAS DE ALFALFA CON EL GEN DE LA *SNAKINA-1* DE PAPA Y ALFALFA 49

García A. N., V. Nahirñac, MC Gómez, M. J. Dieguez, E. M. Pagano, C. Vazquez Rovere, F. J. Ardila, P. M. Franzone, R. D. Ríos

GMV 19

MODO REPRODUCTIVO DE UNA PROGENIE ORIGINADA EN UN CRUZAMIENTO SEXUAL X APOMÍCTICO ENTRE ESPECIES DEL GRUPO PLOCATULA DE *PASPALUM* 50

Aguilera P. M., F. Galdeano, J. P. A. Ortiz, C. L. Quarín, F. Espinoza

GMV 20

- VARIABILIDAD GENÉTICA EN CULTIVARES DE TRÉBOL BLANCO
(*TRIFOLIUM REPENS* L.) MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES
Y CARACTERES MORFOFISIOLÓGICOS 51
Randazzo C. P., E. M. Pagano, B. S. Rosso, R. D. Ríos

GMV 21

- DESARROLLO DE UN SISTEMA DE REGENERACIÓN Y TRANSFORMACIÓN PARA
EL ESTUDIO DE LA APOMIXIS EN *PASPALUM NOTATUM* 51
Woitovich N., H Permingeat, M. Mancini, J. P. Ortiz, C. Guarin, S. Pessino, S. Felitti

GMV 22

- IDENTIFICACIÓN Y EVALUACIÓN DE LAS RELACIONES GENÉTICAS ENTRE
MATERIALES DE KENAF (*HIBISCUS CANNABINUS* L.) 52
Collavino N. G., M. I. Pocoví, L. N. Gray, J. A. Mariotti, R. D. Ríos, T. Millán

GMV 23

- MECANISMOS INVOLUCRADOS EN LA TOLERANCIA A MAL DE RÍO CUARTO 52
Bonamico N. C., M. A. Ibáñez, M. L. Borghi, M. D. Dallo, M. A. Di Renzo

GMV 24

- IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS RECOMBINANTES DE TRIGO (*TRITICUM AESTIVUM*)
TOLERANTES AL ESTRÉS BIÓTICO 53
Tacaliti M. S., D. Giménez, A. M. Castro

GMV 25

- HERENCIA Y EFECTO DE LA ÉPOCA DE SIEMBRA EN CARACTERES DE VALOR
ORNAMENTAL EN EL GIRASOL 53
Echeverría M. M., Salaberry M. T., Divita E., Rodríguez R. H., Castaño F. D.

GMV 26

- PARAMETROS GENÉTICOS EN CARACTERES REPRODUCTIVOS DE FAMILIAS
DE MEDIOS HERMANOS DE RAIGRÁS ANUAL 54
Acuña M., Álvarez G., Andrés A., De Battista J.

GMV 27

- VARIABILIDAD GENÉTICA Y ESPECTATIVAS DE RESPUESTA A LA SELECCIÓN
DEL PESO DE LA SEMILLA EN *LOTUS TENUIS* 54
Mujica M. M., M. J. Arturi, A. M. Biscaisague

GMV 28

- EL ANÁLISIS DE SECUENCIAS DE ADNCP EVIDENCIA QUE LAS DISTINTAS
VARIETADES BOTÁNICAS DEL MANÍ (*ARACHIS HYPOGAEA* L.) POSEEN UN
ORIGEN ÚNICO 55
Grabiele M., G. Robledo, J. G. Seijo

GMV 29

- APLICACIÓN DE SSRs PARA DETERMINAR EL GRADO DE SIMILITUD
DE HÍBRIDOS COMERCIALES DE MAÍZ UTILIZADOS EN ARGENTINA 55
Pacheco M. G., V. J. Etchart, A. M. García, G. E. Schrauf, C. Banchemo

GMV 30

LIGAMIENTO ENTRE CARACTERES CUANTITATIVOS ASOCIADOS A CALIDAD Y POLIPÉPTIDOS EXPRESADOS EN DOS ESTADOS DE MADUREZ DEL FRUTO EN LÍNEAS ENDOCRIADAS RECOMBINANTES (RILS) DE TOMATE 56

Gallo M., G. R. Rodríguez, G. R. Pratta, R. Zorzoli, L. A. Picardi

GMV 31

COMPORTAMIENTO DE LA CORRELACIÓN FENOTÍPICA ENTRE RENDIMIENTO Y CALIDAD EN VARIEDADES DE TRIGO PAN 56

Yannicari M. E., Mujica M. M., Yalungo F. Y.

GMV 32

CARACTERIZACIÓN DE BIOTIPOS DE *LOLIUM PERENNE* L. RESISTENTES A GLIFOSATO MEDIANTE LA EXPRESIÓN DE DISTINTOS SISTEMAS ISOENZIMÁTICOS 57

Yannicari M. E., A. M. Castro, D. O. Giménez, M. C. Istilart

GMV 33

ANÁLISIS DE LA APTITUD COMBINATORIA EN LÍNEAS DE MAÍZ (*ZEA MAYS* L.) DE TIPO FLINT, PORTADORAS DE SISTEMAS DE LETALES BALANCEADOS 57

Magnago M. D., A. M. Pardo, M. V. Kandus, D. Almorza, R. Boggio Ronceros, J. C. Salerno

GMV 34

EFFECTO DE LA SELECCIÓN PARA EL AUMENTO Y DISMINUCIÓN DEL PESO DE SEMILLAS EN *PANICUM COLORATUM* VAR. *MAKARIKARIENSIS* 58

Giordano M. C., N. S. Dreher, L. V. Armando, M. A. Tomás

GMV 35

PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES ASOCIADOS A LA PRODUCCIÓN DE SEMILLA Y MATERIA SECA EN CEBADILLA CRIOLLA (*BROMUS CATHARTICUS* VAHL.) 58

Fedyszak P., M. Aulicino, L. Ferrari, M. Arturi

GMV 36

CARACTERIZACIÓN DE LA RESPUESTA HIPERSENSIBLE EN POMELO DUNCAN DE UN FRAGMENTO DE *XANTHOMONAS AXONOPODIS* PVCITRI GRUPO C 59

Rinsdahl-Canavosio M. A., G. Minsavage, J. B. Jones, R. E. Stall, A. Gochez, A. A. Vojnov, B. I. Canteros

GMV 37

EFFECTO DE LA DEFOLIACIÓN SOBRE LA SINCRONÍA FLORAL EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ 60

Piñol M. A., M. A. Ibañez, M. A. Di Renzo, N. C. Bonamico, P. Mayor

GMV 38

SELECCIÓN DE MARCADORES MICROSATELITES EN UNA POBLACIÓN SEGREGANTE DE *CYNARA CARDUNCULUS* 60

Martin E. A., E. J. Acquaviva, V. P. Cravero, M. A. Espósito, I. Crippa, E. L. Cointry

GMV 39

- IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA EN EL CULTIVAR DE TRIGO *BUCK PONCHO* 61
 Darino M. A., M. V. López, M. F. Pergolesi, M. J. Dieguez, L. R. Ingala, F. Sacco

GMV 40

- FLUJO GÉNICO EN PAPA A NIVEL DE CAMPO 61
 Capurro M. A., E. L. Camadro

GMV 41

- SELECCIÓN RECURRENTE PARA RENDIMIENTO EN UNA POBLACIÓN SEMIDENTADA SEMIPRECOZ DE MAÍZ (*ZEA MAYS*, L) 62
 Appendino L. M., R. D. Lorea, P. Rossi, G. H. Eyhérabide, D. A. Presello

GMV 42

- VARIABILIDAD DEL COMPORTAMIENTO DE LA GERMINACION Y PORCENTAJE DE SEMILLA DURA, ENTRE POBLACIONES NATURALES DE *LOTUS TENUIS* 62
 Entío L. J., H. Casalla, M. L. Bravo, M. M. Mujica

GMV 43

- CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE CLONES DEL ALGARROBO BLANCO *PROSOPIS ALBA* CON ALTA PRODUCCIÓN DE VAINAS DULCES Y RESISTENCIA A LA SALINIDAD 63
 Roser L. G., L. I. Ferreyra, J. C. Vilardi, L. E. Paulin, M. Ewens, B. O. Saidman

GMV 44

- ANÁLISIS GENÉTICO PARA CARACTERES DEL FRUTO EN UNA POBLACIÓN F_2 DE *SOLANUM* SPP DERIVADA POR CRUZAMIENTO DE DOS LÍNEAS ENDOCRIADAS (RILS) 63
 Liberatti D. R., S. L. Mahuad, E. Marchionni Basté, G. R. Rodriguez, G. R. Pratta, R. Zorzoli, L. A. Picardi

GMV 45

- VARIABILIDAD GENÉTICA EN CARACTERES DE CRECIMIENTO DE PROGENIES DE *JATROPHA CURCAS* 64
 Fernandes K. H. P., E. C. Palomino, H. M. Saturnino, C. S. Pinto, E. S. Mori

GMV 46

- SELECCIÓN ASISTIDA CON MARCADORES MICROSATÉLITES PARA LA INTROGRESIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A *PYRICULARIA GRISEA* EN ARROZ (*ORYZA SATIVA*) 64
 Colazo J. L., A. B. Livore, F. Cattaneo

GMV 47

- CARACTERIZACIÓN DE UNA RETROCRUZA DE UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE POR ATRIBUTOS POSCOSECHA DE LOS FRUTOS 65
 Pereira da Costa J. H., G. R. Rodriguez, G. R. Pratta, R. Zorzoli, L. A. Picardi

GMV 48

- ANÁLISIS DE LA ANTIBIOSIS A *SIPHA MAYDIS* EN CULTIVARES COMERCIALES ARGENTINOS DE TRIGO 65
 Saldúa V. L., F. J. Ezquiaga, D. O. Gimenez, A. M. Castro

GMV 49

- BUSQUEDA DE TOLERANCIA A ESTRÉS HIDRICO EN FLORACIÓN EN *HELIANTHUS ANNUUS* L. NATURALIZADO DE ARGENTINA 66
 Fernandez Moroni I., A. Presotto, M. Poverene, M. Cantamutto

GMV 50

- ANÁLISIS DIALÉLICO DE VARIEDADES INTA DE ALGODÓN (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) 66
 Gomez G. M.

GMV 51

- UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS A GENES DE INTERÉS AGRONÓMICO PARA CARACTERIZAR LA VARIABILIDAD GENÉTICA DEL GERMOPLASMA UTILIZADO EN EL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE TRIGO DEL INTA 67
 Donaire G, C. Bainotti, J. Nisi, M. Conde, M. Helguera

GMV 52

- VALIDACIÓN DE UN CRITERIO DE SELECCIÓN PARA LA CALIDAD FORRAJERA EN AGROPIRO ALARGADO (*THINOPYRUM PONTICUM*) Y AGROPIRO INTERMEDIO (*T. INTERMEDIUM*) 67
 Schrauf G. E., P. Rush, M. L. Appendino, G. Pérez Camargo, S. Cardone, J. P. Pellegrini, L. Balbiani, B. Rosso, J. Carrete, E. Pagano, P. Rimieri, R. Ríos

GMV 53

- ESTUDIO DE CARACTERES DE INTERES AGRONOMICO Y ANALISIS DE MARCADORES MOLECULARES EN UNA LINEA DE PRE MEJORA DE TOMATE 68
 Caruso G., V. Broglia, M. Pocoví, E. Gilardón

GMV 54

- RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS EN GIRASOL: CRECIMIENTO AÉREO Y RADICAL EN PLÁNTULAS DE DISTINTOS GENOTIPOS 68
 Breccia G., T. Vega, G. Nestares, R. Zorzoli, L. Picardi

GMV 55

- EVALUACIÓN GENÉTICA DE LA EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA *IN VITRO* EN LÍNEAS DE MAÍZ CON BUENA APTITUD AGRONÓMICA 69
 González G. A., D. M. Lewi, C. A. Décima Oneto, V. J. Etchart, J. C. Salerno, M. V. Kandus, G. Eyherabide, D. Presello, M. G. Pacheco

GMV 56

- EFFECTO DEL ESTRÉS HIDRICO EN FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE AGROPIRO ALARGADO 70
 Friguglietti L., I. Varea, I. Ramírez, M. Acuña, A. Andres

GMV 57

UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES MICROSATÉLITES PARA
CERTIFICACIÓN DE CLONES DE *EUCALYPTUS GRANDIS* PRODUCIDOS
POR BIOFÁBRICA 70

Ortiz E. M., V. G. Teza, P. D. Zapata

GMV 58

LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ: APTITUD COMBINATORIA ESPECÍFICA PARA
DIFERENTES USOS 71

di Santo H., A. Ferreira, E. Castillo, E. Grassi, V. Ferreira

GMV 59

VARIABILIDAD DEL CARÁCTER PRECOCIDAD INTRÍNSICA EN VARIEDADES
ARGENTINAS DE TRIGO HEXAPLOIDE (*TRITICUM AESTIVUM* L.) 71

Gómez D., L. Vanzetti, L. Lombardo, M. Helguera, J. Frascina

GMV 60

SELECCIÓN RECURRENTE MASAL PARA RENDIMIENTO DE MERCADO
EN ESPÁRRAGO BLANCO (*ASPARAGUS OFFICINALIS* L.) 72

De Lellis R., F. S. López Anido, S. M. García, I. T. Firpo, V. P. Cravero, A. Espósito,
E. Martín, EL COUNTRY

GMV 61

CORRELACIONES ENTRE CARACTERES PRODUCTIVOS Y SU HEREDABILIDAD
EN HÍBRIDOS DE MAÍZ (*ZEA MAYS* L.) PROVENIENTES DE LÍNEAS BLS
(BALANCED LETHAL SYSTEM) 72

Pardo A. M., M. D. Magnago, M. V. Kandus, D. Almorza, R. Boggio Ronceros, J. C. Salerno

GMV 62

REVERSIONES DE LA LINEA CITOPLOSMICA LC2 POR ACCION DEL GENOTIPO
MUTADOR DE CLOROPLASTOS DE LA CEBADA 73

Landau A. M., M. G. Pacheco, A. R. Prina

GMV 63

APILAMIENTO DE EVENTOS TRANSGÉNICOS QUE CODIFICAN PROTEÍNAS
ANTIFÚNGICAS EN ALFALFA 73

Aliani, A. M., A. M. Ferri, R. Ríos, P. Franzone, E. M. Pagano, F. Ardila

GMV 64

¿AFECTA EL AMBIENTE LA MAGNITUD Y EXPRESIÓN DE LA RESISTENCIA PARCIAL
A LA PODREDUMBRE BLANCA DE LOS CAPÍTULOS DE GIRASOL? 74

Giussani A., F. Castaño, R. Rodríguez

GMV 65

GIRASOLES ORNAMENTALES Y SU RESISTENCIA A *SCLEROTINIA* Y MILDÍU 74

Giussani A., O. Marcellán, F. Castaño, T. Salaberry, M. Echeverría, R. Rodríguez

GMV 66

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES DE *SOLANUM KURTZIANUM* 75

Marfil C. F., S. Carrasco, R. W. Masuelli

GMV 67

ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE GIRASOL (*HELIANTHUS ANNUUS L.*)
CODIFICANTES DE PROTEÍNAS TIPO GERMINAS (*GERMIN LIKE*) 75

Décima Oneto C., G. González, D. M. Lewi

GMV 68

RESISTENCIA ANTIBIÓTICA AL PULGÓN RUSO DEL TRIGO EN LÍNEAS DE CEBADA ... 76

Tocho E., M. Ricci, A. M. Castro

Comunicaciones libres: Citogenética vegetal**CV 1**

ESTUDIOS MORFOLÓGICOS Y DE VIABILIDAD DE POLEN EN UNA CRUCIFERAE
DE AMAICHA DEL VALLE, PROVINCIA DE TUCUMÁN 77

Pastoriza A. del V., C. J. Budeguer, A. Nasif, L. Martínez Pulido, B. Andrada Mansilla,
A. B. Andrada

CV 2

VARIACIÓN DEL TAMAÑO DEL GENOMA EN EL COMPLEJO POLIPLOIDE
TURNERA ULMIFOLIA 77

López A., Panseri A. F., Poggio L., A. Fernández

CV 3

CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE DOS POBLACIÓN DE TOMILLITO
DE LAS SIERRAS (*HEDEOMA MULTIFLORUM BENTH.*) 78

Liébana C., M. Ojeda, A. Ordóñez

CV 4

ESTUDIO COMPARATIVO DE LOS CARIOTIPOS DE LOS TAXONES DE *ZEA* (MAYDEAE) ... 78

González G., M. F. Fourastí, A. M. García, L. Poggio

CV 5

LA VARIACIÓN DE LOS KNOBS HETEROCROMÁTICOS PERMITE CARACTERIZAR
RAZAS DE MAÍZ DEL NOROESTE ARGENTINO 79

González G., M. F. Fourastí, AM García, J. Cámara-Hernández, L. Poggio

CV 6

ESTUDIOS CROMOSÓMICOS EN *PAPPOPHORUM CAESPITOSUM* 79

Perthuy G. Y., G. E. Schrauf, L. Poggio

CV 7

ESTUDIOS CITOGÉNÉTICOS EN HÍBRIDOS F₁ ENTRE *HELIANTHUS ANNUUS*
Y *H. RESINOSUS* 80

Miranda Zanetti J., E Greizerstein, L. Poggio, M. M. Poverene, A. Carrera

CV 8

VARIACIÓN CARIOTÍPICA ESTRUCTURAL Y POLIPLOIDÍA EN POBLACIONES
NATURALES DE *LATHYRUS NERVOSUS* LAM 80

Chalup L., G. Seijo

CV 9

IRREGULARIDADES MEIÓTICAS EN UNA POBLACIÓN DE LA ESPECIE SILVESTRE
DIPLOIDE DE PAPA *SOLANUM CHACOENSE* BITTER 81

Bottini M. C. J., E. J. Greizenstein, L. Poggio, E. L. Camadro

CV 10

CONTENIDO, DISTRIBUCIÓN Y COMPOSICIÓN DE LA HETEROCROMATINA
EN DISTINTAS VARIEDADES DE CUATRO ESPECIES DE *AMARANTHUS*
(*AMARANTHACEAE*) CULTIVADAS 81

Bonasora M., E. J. Greizerstein, L. Poggio

CV 11

ESTUDIO CITOGÉNÉTICO DEL HÍBRIDO INTERESPECÍFICO *ARACHIS PINTOI* X
A. REPENS (SECCIÓN *CAULORRHIZAE*) Y SUS PARENTALES MEDIANTE
CITOGÉNÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR 82

Pucciariello O., A. Ortiz, A. Fernández, G. I. Lavia

CV 12

DETERMINACION MEDIANTE CITOMETRÍA DE FLUJO DE NIVELES DE PLOIDIA
DE UNA COLECCIÓN DE GERMOPLASMA DE FESTUCA ALTA (*FESTUCA*
ARUNDINACEA SCHREB) 82

Cuyeu A. R., Evans A. R., Coviella A., Pagano E. M., Rosso B. S., Ríos R. D.

CV 13

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN DEL TAMAÑO DEL GENOMA EN POBLACIONES
DIPLOIDES DEL COMPLEJO *TURNERA SIDOIDES* POR CITOMETRÍA DE FLUJO 83

Roggero J. M., E. M. S. Moreno, V. G. Solís Neffa

CV 14

RELACIONES EVOLUTIVAS ENTRE LAS ESPECIES DIPLOIDES Y TETRAPLOIDES
DE LA SECCIÓN *RHIZOMATOSAE* DEL GÉNERO *ARACHIS* MEDIANTE TINCIÓN
CON FEULGEN Y BANDEO CMA/DAPI 83

Ortiz A., G. Seijo, G. I. Lavia

CV 15

CITOLOGÍA Y MODO DE REPRODUCCIÓN DE *PASPALUM DURIFOLIUM* MEZ
PENTAPLOIDE (*POACEAE*: *PANICOIDEAE*: *PANICEAE*) 84

Honfi A. I., C. L. Quarín

CV 16

EVIDENCIAS CROMOSOMICAS DE LA EXISTENCIA DE TRES TIPOS GENOMICOS EN EL GRUPO DE ESPECIES DE LA SECCION ARACHIS (GENERO *ARACHIS*, LEGUMINOSAE) ORIGINALMENTE ASIGNADAS AL GENOMA "B" 84

Robledo G., J. G. Seijo

CV 17

CARIOTIPO, BANDEO CROMOSÓMICO Y DETECCIÓN DE GENES DE RRNA 5S Y 18S/26S MEDIANTE FISH EN TRES ESPECIES DE *HIPPEASTRUM* HERB. (AMARYLLIDACEAE) 85

Daviña J. R., A. Fernández, E. A. Moscone

CV 18

ALTERACIONES MEIÓTICAS EN UNA POBLACIÓN F₁ TETRAPLOIDE DE *PASPALUM NOTATUM* SEGREGANTE POR EL MODO DE REPRODUCCIÓN 86

Podio M., D. Hojsgaard, C. L. Quarín, J. P. A. Ortiz

CV 19

DISTRIBUCIÓN Y FRECUENCIA DE CITOTIPOS DE *PASPALUM ALCALINUM* MEZ EN LAS POBLACIONES NATURALES 86

Sartor M. E., C. L. Quarín, F. Espinoza

CV 20

EVIDENCIAS DE DIFERENCIACIÓN CARIOTÍPICA ENTRE LAS TRES ESPECIES DEL COMPLEJO *CAPSICUM ANNUUM* (*C. ANNUUM*, *C. CHINENSE*, *C. FRUTESCENS*) 87

Romero M. V., M. A. Scaldaferrro, E. A. Moscone

CV 21

CROMOSOMAS HOLOCÉNTRICOS EN *CUSCUTA PARODIANA* YUNCKER (SUBGEN. GRAMMICA) 87

Lozzia, M. E., A. R. Andrada, V. de los A. Páez, M. I. Toranzo, M. E. Cristóbal

Comunicaciones libres: Citogenética animal**CA 1**

STEINDACHNERIDION DOCEANUM Y *PHRACTOCEPHALUS HEMILIOPTERUS* (PISCES, SILURIFORMES): DESCRIPCIÓN CARIOTÍPICA Y CONSIDERACIONES CITOTAXONÓMICAS 89

Swarça A. C., J. A. Dergam, R. B. Noletto, A. L. Dias, A. S. Fenocchio

CA 2

UN NUEVO CARIOTIPO PARA EL GÉNERO *AMPHISBAENA* (AMPHISBAENIA: SQUAMATA) 89

Falcione A. C., A. B. Hernando

CA 3

AVANCES EN EL ESTUDIO CITOLÓGICO DURANTE LA OVOGÉNESIS DE
LA MOSCA SUDAMERICANA DE LA FRUTA *ANASTREPHA FRATERCULUS* (WIED.)
(DIPTERA: TEPHRITIDAE) 90

Raffaelli F., N. S. Forneris, A. L. Basso

CA 4

HIBRIDACIÓN *IN SITU* POR FLUORESCENCIA EN PERRA WEIMARANER CON
AMBIGÜEDAD SEXUAL 90

Quero A. A. M., P. Gargallo, L. Martín, L. Albarracín, V. Hynes, D. M. Ferré,
I. B. Larripa, N. B. Gorla

CA 5

INESTABILIDAD CROMOSÓMICA DURANTE EL ESTABLECIMIENTO DE UNA LÍNEA
CELULAR ORIGINARIA DE *ORYCTOLAGUS CUNICULUS* 91

Pilili J. P., S. Soloneski, M. A. Reigosa, M. L. Larramendy

CA 6

LOS CROMOSOMAS SEXUALES EN HETEROPTERA: SU COMPORTAMIENTO Y LA
FORMACIÓN DE ELEMENTOS AXIALES DURANTE LA MEIOSIS MASCULINA
TEMPRANA 91

Toscani M. A., A. G. Papeschi, M. I. Pigozzi

CA 7

LOCALIZACIÓN DE LOS GENES RIBOSOMALES EN CROMOSOMAS
MITÓTICOS DE *ANASTREPHA FRATERCULUS* (WIED) MEDIANTE HIBRIDACIÓN
IN SITU FLUORESCENTE 92

Giardini M. C., F. Milla, C. Conte, S. Lanzavecchia, J. L. Cladera

CA 8

ESTUDIOS MEIÓTICOS EN *MICROTOMUS LUNIFER* (BERG 1900)
(HETEROPTERA, REDUVIIDAE, HAMMACERINAE): CROMOSOMAS M E INVERSIÓN
DE LA ACTIVIDAD CINÉTICA 92

Poggio M. G., M. J. Bressa, A. G. Papeschi

CA 9

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y DE LA REGIÓN RECOMBINANTE EN EL PAR ZW
DE ESPECIES DEL ORDEN TINAMIFORMES (AVES) 93

Pigozzi M. I.

CA 10

EVOLUCIÓN DEL CARIOTIPO EN *LYGAEUS ALBOORNATUS* Y *L. HOSPES*
MEDIANTE LA LOCALIZACIÓN DE LOS GENES RIBOSOMALES (HETEROPTERA:
LYGAEIDAE: LYGAEINAE) 94

Bressa M. J., V. Suman, L. Z. Carabajal Paladino, H. Kaur, A. G. Papeschi

CA 11

CARIOTIPO, CROMOSOMAS B Y AGNOR EN *PROCHILODUS LINEATUS*
(CHARACIFORMES, PROCHILODONTIDAE) DEL RÍO PARANÁ, CORRIENTES,
ARGENTINA 94

Canzoneri R., S. Sánchez, L. C. Jorge

CA 12

LOCALIZACIÓN DE LAS REGIONES ORGANIZADORAS NUCLEOLARES MEDIANTE
HIBRIDACIÓN IN SITU FLUORESCENTE (FISH) EN *EPILACHNA PAENULATA*
(GERMAR) (COLEOPTERA: POLYPHAGA: COCCINELLIDAE: EPILACHNINAE) 95

Sandruss Z., M. J. Bressa, N. Cabrera, A. G. Papeschi

CA 13

CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE *CHRYSOPERLA ARGENTINA* GONZÁLEZ
OLAZO & REGUILÓN Y *CHRYSOPERLA EXTERNA* HAGEN (INSECTA,
NEUROPTERA, CHRYSOPIDAE) 95

Andrada A. R., E. González Olazo, M. E. Lozzia, F. Heredia

Comunicaciones libres: Mutagénesis**M 1**

EFFECTO DE LA BLEOMICINA SOBRE LAS SECUENCIAS TELOMÉRICAS
INTERSTICIALES DE CÉLULAS CHO 97

Sánchez J., M. S. Bianchi, A. D. Bolzán

M 2

ESTUDIO CITOGENETICO DE NANOPARTICULAS DE OXIDO DE TITANIO Y
ALUMINIO EN CELULAS CHO-K1 97

Di Virgilio AL, MA Reigosa, M Fernández Lorenzo de Mele

M 3

EFFECTOS INDUCIDOS POR IONES COBRE SOBRE CELULAS OSTEOLASTICAS
(UMR-106) 98

Grillo C.A., M. A. Reigosa, R. H. Pérez, M. Fernández Lorenzo

M 4

MODULACION DE LA SUPERVIVENCIA Y DE LA APOPTOSIS EN CELULAS
LINFOBLASTOIDEAS HUMANAS TRATADAS CON CISPLATINO Y COMPUESTOS
TIOLICOS 98

Román C. L., J. V. Fay, S. M. Richard, D. M. López-Larrazza

M 5

ESTUDIOS PRELIMINARES DE LOS EFECTOS GENOTÓXICOS DEL MALATION EN
RHAMDIA QUELEN (SILURIFORMES, PIMELODIDAE) 99

Cowper Coles F., L. C. Jorge

M 6

USO Y EFECTOS DE LA EXPOSICIÓN A PLAGUICIDAS EN LA PROVINCIA DE CÓRDOBA ... 99

Mañas F., N. Gorla, L. Peralta, B. Bosh, N. Gentile, D. Aiassa

M 7GENOTOXICIDAD DEL PRINCIPIO ACTIVO GLIFOSATO EN *CAIMAN LATIROSTRIS*
(YACARÉ OVERO) 100

Poletta G. L., A. Larriera, E. Kleinsorge, M. D. Mudry

M 8GENOTOXICIDAD DE N-NITROSO-N-ETILUREA (ENU) EN LA MACRÓFITA ACUÁTICA
BIDENS LAEVIS L. 100

Lukaszewicz G., D. J. Pérez, M. L. Menone, E. L. Camadro

M 9

EVALUACION GENOTOXICA DEL INSECTICIDA-ACARICIDA AMITRAZ 101

Ponzinibbio M. V., G. Padula, A. Seoane

M 10EFECTO RADIOPROTECTOR DEL GLUTATION EN CÉLULAS CHO IRRADIADAS
CON BAJAS DOSIS DE RAYOS X 101

De Luca J. C., M. V. Ponzinibbio, A. I. Seoane, D. Lopez-Larrazza

M 11EFECTO DE COMPUESTOS TIOLICOS SOBRE LA SUPERVIVENCIA CELULAR Y
LA APOPTOSIS INDUCIDAS POR BLEOMICINA EN CELULAS LINFOBLASTOIDEAS
HUMANAS 102

Fay J. V., C. L. Román, S. M. Richard, D. M. Lopez-Larrazza

M 12DETERMINACIÓN PRELIMINAR DE LAS FRECUENCIAS BASALES DE MICRONÚCLEOS
IN SITU EN ALGUNAS ESPECIES DE PECES DEL RÍO PARANÁ 102

Fenocchio A. S., J. D. Caffetti, E. M. Garcia, G. N. A. Furnus, M. C. Pastori

M 13PARTICIPACIÓN DIFERENCIAL DE REUNIÓN DE EXTREMOS NO HOMÓLOGOS
(NHEJ) Y RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA (HR), EN EL CONTEXTO DEL CICLO CELULAR,
PARA PROTEGER LA INTEGRIDAD CROMOSÓMICA FRENTE A LOS
VENENOS DE TOPOISOMERASA II (TOPOII) 103

Elguero M. E., M. de Campos Nebel, I. Larripa, M. González Cid

M 14ESTUDIO DE ABERRACIONES CROMOSÓMICAS EN PERSONAS EXPUESTAS AL
CONSUMO DE AGUA CON ALTOS NIVELES DE NITRATO EN BARRIOS DE LA
ZONA NORTE DE LA CIUDAD DE MAR DEL PLATA (ALTO GAMET, LAS DALIAS
Y PARQUE PEÑA) 103

Polí M. N., L. A. López Miranda, P. Fernández Iriarte, G. J. Zanier, C. E. Iudica

M 15

MUTAGÉNESIS EN CÉLULAS DE HAMSTER CHINO EXPUESTAS CRÓNICAMENTE
A DOSIS BAJAS DE RADIACIÓN IONIZANTE 104

Ponzinibbio M. V., D. Lopez Larraza, P. Peral-García y A. Seoane

Comunicaciones libres: Genética y mejoramiento animal**GMA 1**

DETECCIÓN DE QTLs PARA CARACTERÍSTICAS LANERAS EN EL CROMOSOMA 1
DE OVINOS MERINO PATAGÓNICOS 105

Dodero A. M., F. Bidinost, D. L. Roldan, H. R. Taddeo, M. A. Poli

GMA 2

ASOCIACIÓN DE MARCADORES DEL BTA5 CON EBVS DE CRECIMIENTO Y GRASA ... 105

Rogberg Muñoz A., P. Prando, E. E. Villegas, M. V. Ripoli, P. Peral García, A. Baldo,
M. C. Añon, G. Giovambattista

GMA 3

IDENTIFICACIÓN DE UN SNP DEL GEN DE LA APOLIPOPROTEÍNA VLDL-II EN UNA
MUESTRA DE POLLOS CAMPEROS INTA 106

Silvestro C. A., Arceo M. E., Aguilera M., Huguet M. J., Canet Z. E., Fain Binda V.,
Miquel M. C., Iglesias G. M.

GMA 4

COMPOSICIÓN E IDENTIFICACIÓN DE LOS GRUPOS RACIALES DE CABRAS
(CRIOLLAS Y MESTIZAS) DE LA ZONA DE TUMBAYA GRANDE (JUJUY, ARGENTINA)
EN BASE AL PERFIL MORFOMÉTRICO 106

Zerpa C. M., N. S. Moreno, N. R. David, G. Simón, E. C. Gonzalez, G. Thiwissen, J. A. Bárbarich

GMA 5

CARACTERIZACIÓN DEL GEN LEPTINA EN LLAMA (*LAMA GLAMA*) E
IDENTIFICACIÓN DE POLIMORFISMOS DEL EXON 3 107

Di Rocco F., M. S. Daverio, L. Vidal Rioja

GMA 6

DETECCIÓN DE POLIMORFISMOS EN EL PROMOTOR DEL GEN MMP-1 EN CANINOS ... 107

Fassa V.B., G. B. Pinto, A. O. Álvarez, J. G. Waldhorn, E. G. Maubecin, A. Elisei,
D. A. Pazos, A. Conte, G. Marrube

GMA 7

LA LÍNEA DE RATÓN CBI/L COMO MODELO PARA EL ESTUDIO DEL
FENÓMENO DE INMUNOEDICIÓN TUMORAL 108

Cáceres J. M., M. F. Zacarías Fluck, M. J. Rico, O. G. Scharovsky, R. J. Di Masso,
V. R. Rozados

GMA 8

- EVALUACIÓN MEDIANTE SIMULACIÓN DE ESTRATEGIAS DE SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES EN BOVINOS PARA CARNE 108
 Macor L., P. M. Corva, G. Monterubbianesi

GMA 9

- FRECUENCIAS GÉNICAS PARA UN GEN QUE CODIFICA TIROGLOBULINA Y SU RELACIÓN CON CRECIMIENTO Y COMPOSICIÓN CORPORAL EN POBLACIONES COMERCIALES DE BOVINOS PARA CARNE 109
 Melucci L. M., M. V. Ripoli, A. M. Piazza, C. A. Mezzadra, J. Papaleo Mazzucco, E. Villarreal, A. Rogberg Muñoz, E. E. Villegas Castagnasso, E. I. Francisco, G. Giovambattista

GMA 10

- VARIABILIDAD GENÉTICA EN UN HATO DE CAPRINOS CRIOLLOS NEUQUINOS (*CAPRA HIRCUS*) DEL SUR ARGENTINO 109
 Caffaro M. E., M. R. Lanari, M. J. Pérez Centeno, A. Vázquez, M. A. Poli

GMA 11

- VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE LA COMPOSICIÓN LIPÍDICA DE LA CARNE DE NOVILLOS BRANGUS 110
 Baeza M. C., P. Corva, E. Pavan, L. Soria, E. Villarreal, A. Schor, L. Melucci, C. Mezzadra, M. Miquel

GMA 12

- EFFECTO DEL GENOTIPO EN LA RESPUESTA A UNA DOSIS CRECIENTE DE *TRICHINELLA SPIRALIS* (TS), EN RATONES CBI/IGE 110
 Vasconi M. D., G. Bertorini, G. Bucalossi, M. F. Londra, R. J. Di Masso, L. I. Hinrichsen

GMA 13

- CARACTERIZACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA PRESENTE EN GENES CANDIDATOS PARA RECEPTORES FIMBRIALES DE *ESCHERICHIA COLI* F4 Y F18 EN CERDOS (*SUS SCROFA DOMESTICA* L.) 111
 Barone N. B., R. Franco, J. Brunori, G. Cottura, L. S. Vanzetti

GMA 14

- RELACIÓN ENTRE MARCADORES DE TERNEZA Y POTENCIAL DE CRECIMIENTO EN BOVINOS PARA CARNE 111
 Corva P. M., L. A. Soria

GMA 15

- MARCADORES EN EL GEN DE CALPAÍNA: CARACTERIZACIÓN EN BOVINOS HEREFORD, BRAHMAN Y BRAFORD 112
 Iglesias P. P., M. E. Caffaro, A. F. Amadio, A. Arias Mañoti, M. A. Poli

GMA 16

- COMPONENTES PRINCIPALES COMO FENOTIPOS DE SISTEMAS BIOLÓGICOS COMPLEJOS. RELACIÓN MÚSCULO-HUESO EN EL RATÓN 112
 Di Masso R. J., P. S. Silva, C. Pippa

GMA 17

RELACIÓN BIOMASA-BASE ÓSEA DE SUSTENTACIÓN EN POBLACIONES
EXPERIMENTALES DE POLLOS CAMPEROS 113

Dottavio A. M., M. Álvarez, J. E. Librera, Z. E. Canet, R. J. Di Masso

GMA 18

VALIDACIÓN DE 22 MICROSATELITES PARA PRUEBA DE PATERNIDAD EN LLAMAS
(*LLAMAS GLAMA*) DEL NOA ARGENTINO 114

Caffaro M. E., H. Lamas, M. A. Poli

Comunicaciones libres: Genética molecular**GMOL 1**

ESTUDIO COMPARATIVO ENTRE MARCADORES ISSR Y SSR EN POBLACIONES
VEGETALES NATURALIZADAS 115

Garayalde A. F., M. M. Poverene, A. D. Carrera

GMOL 2

EVALUACION DE LA REACCION EN CADENA DE LA POLIMERASA (PCR) COMO
METODO PARA DIFERENCIAR CEPAS DE *ELSINOE* PATOGENAS DE CITRUS
EN ARGENTINA 115

Gochez A. M., M. A. Rybak, M. A. Rinsdahl-Canavosio, B. I. Canteros

GMOL 3

UTILIZACIÓN DE MARCADORES MICROSATÉLITES PARA EL ESTUDIO DE LA
BIODIVERSIDAD GENÉTICA DE *ASTYANAX ABRAMIS* (JENYNS, 1842), DEL
ARROYO YABOTI, MISIONES 116

Ojeda A. P., L. M. Hirt, P. D. Zapata

GMOL 4

DETERMINACION DE LA ACTIVIDAD ENDO- α -1,4-GLUCANASA DE *TRAMETES*
VILLOSA Y *GANODERMA APPLANTUM* EN SUSTRATO LIGNOCELULOLITICO 116

Giorgio E. M., L. L. Villalba, P. D. Zapata

GMOL 5

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN DE EQUINOS
AFECTADOS DE OSTEOCONDROSIS 117

Galinelli N. C., M. E. Kienast, M. F. Landoni

GMOL 6

CARACTERIZACIÓN DE AISLAMIENTOS DE *FUSARIUM POAE* (PECK) WOLLENW.
MEDIANTE EL USO DE MARCADORES MOLECULARES 117

Dinolfo M. I., S. A. Stenglein, M. V. Moreno, G. L. Salerno

GMOL 7

CUANTIFICACIÓN DE LA ACTIVIDAD ENZIMÁTICA Y AMPLIFICACIÓN DE FRAGMENTOS GENICOS DE LACASA Y MANGANESO PEROXIDASA EN *PENIOPHORA SP.* 118

Fonseca M. I., M. R. Tejerina, A. B. Ramos, N. I. Sanabria, J. I. Fariña, L. L. Villalba, P. D. Zapata

GMOL 8

IDENTIFICACIÓN DEL GEN DE LA VITELOGENINA EN EL VECTOR DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS *TRITOMA INFESTANS* (HEMIPTERA: REDUVIIDAE) 118

Blariza M. J., N. W. Soria, C. Carriazo, B. A. García

GMOL 9

AUTOREGULACION TRANSCRIPCIONAL DEL SISTEMA REGULATORIO RCSC/RCSA/RCSB EN *SALMONELLA TYPHIMURIUM* 119

Pescaretti M. M., R. D. Morero, M. A. Delgado

GMOL 10

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE UN NUEVO MORFOTIPO DE *MELANOIDES TUBERCULATUS* (MOLLUSCA: GASTROPODA) DEL ALTO PARANÁ 119

Sede M. M., R. E. Vogler, J. G. Peso, C. F. Argüelles

GMOL 11

IDENTIFICACIÓN DE UN SEGMENTO GENICO PUTATIVO DE ADF (“ACTIN-DEPOLIMERIZING FACTOR”) EN FRUTILLA (*FRAGARIA ANANASSA*) 120

Ontivero M., S. M. Salazar, M. G. Martínez Zamora, J. C. Díaz Ricci, A. P. Castagnaro

GMOL 12

VARIABILIDAD GENÉTICA Y EPIGENÉTICA EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS SINTÉTICOS DE *SOLANUM* Y EN EL HÍBRIDO INTERESPECÍFICO NATURAL *SOLANUM X RECHEI* 121

Cara N., C.F. Marfil, R.W. Masuelli

GMOL 13

TIPIFICACION POR PCR – RFLP DE LAS ESPECIES CAUSANTES DE LEISHMANIASIS CUTANEA (LC) Y LEISHMANIASIS VISCERAL CANINA (LVC) EN LA PROVINCIA DE MISIONES 121

Acardi S. A., M. G. Giuliani, M. S. Collado, O. D. Salomon, M. C. Monzani, D. J. Liotta

GMOL 14

AVANCES EN LA TIPIFICACIÓN GEN-ESPECÍFICA DEL MHC EQUINO 122

Díaz S., M. M. Manganare, P. Peral García, G. Giovambattista

GMOL 15

DESARROLLO DE UN MAPA FINO DE LA REGIÓN DISTAL DEL CROMOSOMA 3BS DE TRIGO, QUE INCLUYE UN GEN DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA DE EXPRESIÓN EN PLANTA ADULTA 122

Velásquez S. M., M. F. Pergolesi, M. J. Diéguez, L. R. Ingala, M. V. López, F. Sacco

GMOL 16

AMPLIFICACIÓN DE SECUENCIAS ITS EN DIFERENTES CEPAS DE
GANODERMA APPLANATUM 123

Tejerina M. R., M. I. Fonseca, L. L. Villalba, P. D. Zapata

GMOL 17

ANÁLISIS MEDIANTE HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS DE UN FRAGMENTO
CONSERVADO DEL GEN COI EN ESPECIES DE LA FAMILIA SARCOPHAGIDAE
(DIPTERA) Y ESTANDARIZACIÓN DE LAS CONDICIONES PARA SU AMPLIFICACIÓN ... 123

Martos Y. V., M. M. Tiscornia, P. D. Zapata

GMOL 18

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN ESPECIES DE IMPORTANCIA
ECONÓMICA DEL GÉNERO *ILEX* MEDIANTE TÉCNICAS MOLECULARES 124

Bubillo R. E., D. J. Liotta, R. Barbón Rodríguez, L. D. Belingheri, S. D. Prat Kricun

Comunicaciones libres: Genética de poblaciones y evolución**GPE 1**

IMPACTO ECOLÓGICO DE LOS GENES DEL GIRASOL CULTIVADO EN LA ESPECIE
SILVESTRE *HELIANTHUS PETIOLARIS* 125

Gutierrez A., M. Cantamutto, M. Poverene

GPE 2

CLASIFICACIÓN DE HÍBRIDOS NATURALES ENTRE ESPECIES ANUALES
DEL GÉNERO *HELIANTHUS* 125

Mondón A.,* A. Gutierrez, A. Presotto, S. Ureta, M. Cantamutto, M. Poverene

GPE 3

DIVERSIDAD GENÉTICA ENTRE LAS SEIS VARIETADES DE *ACACIA CAVEN*,
EVALUADA A NIVEL MOLECULAR MEDIANTE LA TÉCNICA DE RAPD 126

Pometti C., J. Vilardi, A. Cialdella, B. Saidman

GPE 4

ESTIMACIÓN DEL SISTEMA DE APAREAMIENTO EN UNA POBLACIÓN NATURAL
DE *PROSOPIS KUNTZEI* MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES (SSR) 126

Besega C., J. C. Vilardi, M. Ewens, B. O. Saidman

GPE 5

ESTUDIO DEL VIRUS PAPILOMA HUMANO TIPO 18 COMO MARCADOR
MOLECULAR NO TRADICIONAL EN EL ESTUDIO DE LA MIGRACIÓN HUMANA 127

Salazar-Céspedes C. R., I. Badano, F. A. Di Lello, R. H. Campos, M. A. Picconi, D. J. Liotta

GPE 6

COMPARACIÓN DE MÉTODOS ALTERNATIVOS DE SECADO EN TRES POBLACIONES
DE MAÍZ, PARA SU CONSERVACIÓN EN BANCO DE GERMOPLASMA 127

Pantuso F. S., D. Flores, Y. Minichello, J. Maidana, D. Giacobbe Boggie, N. Aguirre

GPE 7

- CARACTERIZACIÓN DE RAZAS NATIVAS DE MAÍZ (*ZEA MAYS SSP. MAYS*)
DEL NOROESTE ARGENTINO (NOA) 128
Rivas J. G., V. V. Lia, A. R. Schlatter, A. L. Vicario, J. Schinf, E. Hopp, N. Paniego

GPE 8

- VARIACION DE LOS GENES COMT E IL1RN EN TRES PROVINCIAS ARGENTINAS 128
Glesmann L. A., E. J. López Soto, L. Vidal Rioja, C. I. Catanesi

GPE 9

- ESTRUCTURA POBLACIONAL EN POBLACIONES NATURALES DE *ANASTREPHA*
FRATERCULUS (DIPTERA, TEPHRITIDAE) DE TUCUMÁN 129
Paulin L. E., A. C. Alberti, L. Oroño, S. M. Ovruski, B. O. Saidman, M. Aluja, J. C. Vilardi

GPE 10

- ANALISIS DE LA DIVERSIDAD HAPLOTIPICA Y SU PARTICION EN POBLACIONES
NATURALES DE CURUPAY (*ANADENANTHERA COLUBRINA VELL BRENAN*
VAR CEBIL) 130
Barrandeguy M. E., P. V. Bertorello, M. V. Garcia

GPE 11

- POLIMORFISMOS CROMOSÓMICOS EN *CORNOPS AQUATICUM* (ACRIDIDAE:
LEPTYSMINAE): CORRELACIONES CON VARIABLES MORFOMETRICAS 130
Romero M. L., P. C. Colombo, M. I. Remis

GPE 12

- EVOLUCION DE LA REPRODUCCION ASEJUAL EN *NAUPACTUS CERVINUS*
(COLEOPTERA, CURCULIONIDAE) 131
Rodríguez M. S., C. Tomatis, N. V. Guzmán, A. A. Lanteri, V. A. Confalonieri

GPE 13

- ANALISIS DE LA DIVERGENCIA ADAPTATIVA EN LOS BIOTIPOS TETRAPLOIDE
Y PENTAPLOIDE DE PASTO MIEL (*PASPALUM DILATATUM* POIR.) 131
García M. V., M. J. Arturi

GPE 14

- HERENCIA DEL TIEMPO DE MADURACIÓN SEXUAL EN MACHOS DE UNA CEPA
MUTANTE DE *ANASTREPHA FRATERCULUS* (DIPTERA: TEPHRITIDAE) 132
Peralta P. A., D. F. Segura, F. H. Milla, J. L. Cladera

GPE 15

- ANALISIS DE LA VARIACION FENOTIPICA DE CARACTERES
REPRODUCTIVOS EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY
(*ANADENANTHERA COLUBRINA* (VELL.) BRENAN VAR. *CEBIL*) 132
Alarcón P. C., M. V. García

GPE 16

- MAPEO DE QTL PARA ACLIMATACIÓN EN LARVAS DE *DROSOPHILA*
MELANOGASTER 133
Sambucetti P. D., A. C. Scannapieco, F. M. Norry

GPE 17

MAPEO QTL PARA LA SOBREVIVENCIA A LA RESTRICCIÓN DIETARIA EN LARVAS DE
DROSOPHILA MELANOGASTER 133

Defays R., C. I. Bertoli, A. C. Scannapieco, P. Sambucetti, F. M. Norry

GPE 18

VARIABILIDAD GENÉTICA Y RELACIONES FILOGENÉTICAS ENTRE *TRITOMA INFESTANS*
SILVESTRES DE ARGENTINA Y BOLIVIA 134

Piccinali R. V., L. A. Ceballos, F. Noireau, U. Kitron, R. E. Gürtler

GPE 19

VARIABILIDAD GENÉTICA ENTRE POBLACIONES DE VICUÑAS (*VICUGNA VICUGNA*)
DEL NOA 134

Longo A. E., P. A. Valdecantos, D. C. Miceli

GPE 20

PLASTICIDAD FENOTÍPICA DE *HELIANTHUS ANNUUS* L. NATURALIZADO EN
ARGENTINA 135

Presotto A., I. Fernandez Moroni, M. Fraysse, M. Poverene, M. Cantamutto

GPE 21

ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO EN POBLACIONES NATURALES DE *TRITOMA*
INFESTANS DE ARGENTINA MEDIANTE LA UTILIZACIÓN DE LOCI DE
MICROSATÉLITES 135

Pérez de Rosas A. R., E. L. Segura, B. A. García

GPE 22

QTL PARA TOLERANCIA A LA RADIACIÓN ULTRAVIOLETA EN *DROSOPHILA*
MELANOGASTER 136

Gómez F. H., F. M. Norry

GPE 23

BUSCANDO EL ANCESTRO AFRICANO DEL BOVINO CRIOLLO: ANÁLISIS
DEL ADN MITOCONDRIAL DEL SUR DE AFRICA 137

Giovambattista G., O. Hanotte, J. P. Lirón, S. Maciel, D. M. Posik, A. Rogberg Muñoz,
M. V. Ripoli, P. Peral García

GPE 24

ORIGEN DE NEOPOLIPLOIDES EN POBLACIONES DIPLOIDES NATURALES
DE *TURNERA SIDOIDES* 137

Kovalsky I. E., V. G. Solís Neffa

GPE 25

LA BASE GENÉTICA DE LA ACLIMATACIÓN EN EL ESTADIO ADULTO
DROSOPHILA MELANOGASTER 138

Arias L. N., A. C. Scannapieco, P. Sambucetti, F. M. Norry

GPE 26

VARIACIÓN FENOTÍPICA EN *DICHRPLUS ELONGATUS*: EVIDENCIAS DE SELECCIÓN NATURAL Y DERIVA GENÉTICA 138

Rosetti M. E. N., M. I. Remis

GPE 27

LETALES EQUILIBRADOS EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE RATONES 139

Oyarzabal M. I., J. C. Salerno

GPE 28

FILOGEOGRAFIA COMPARADA DE DOS ESPECIES DE GORGOJOS PLAGA CON DISTINTOS MODOS DE REPRODUCCION 139

Guzmán N. V., M. S. Rodriguez, A. A. Lanteri, V.A. Confalonieri

GPE 29

ESTUDIOS DE HEREDABILIDAD DE RASGOS MORFOMÉTRICOS EN *CAIMAN LATIROSTRIS* (YACARÉ OVERO) 140

Amavet P. S., J. C. Vilardi, B. O. Saidman

Comunicaciones libres: Genética molecular humana**GMH 1**

GENOTIPIFICACIÓN DE MICROSATÉLITES MONONUCLEOTÍDICOS EN POBLACIÓN ARGENTINA NORMAL 141

Fundia A. F., M. de Dios Soler, I. Larripa

GMH 2

DETERMINACIÓN DE LAS FRECUENCIAS GENOTÍPICAS Y ALÉLICAS DE LA APOLIPOPROTEÍNA E (APO E) EN MUESTRA DE POBLACIÓN ARGENTINA 141

Kahan M. A., A. R. Cajal, M. A. Redal, P. F. Argibay

GMH 3

PREVALENCIA DE MUTACIONES NONSENSE EN PACIENTES CON PROTOPORFIRIA ERITROPOYÉTICA 142

Colombo F. P., J. E. Martinez, M. V. Rossetti, A. Batlle, V. E. Parera

GMH 4

ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE (SNP'S) EN PACIENTES CON PORFIRIA VARIEGATA 142

Granata B. X., V. E. Parera, A. Batlle, M. V. Rossetti

GMH 5

ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL PROMOTOR TNF-ALFA EN UNA MUESTRA DE MUJERES URBANAS DE LA CIUDAD DE POSADAS (MISIONES, ARGENTINA) 143

Stietz M. S., I. Badano, I. M. Quintero, M. E. D. Cabrera, T. G. Schurr, M. A. Picconi, R. H. Campos, D. J. Liotta

GMH 6

PREVALENCIA DE INFECCION POR VIRUS PAPILOMA HUMANO (HPV) DE ALTO RIESGO EN MUJERES CON CITO DIAGNOSTICO DE LESIONES CERVICALES DE BAJO GRADO (L-SIL) DE LA CIUDAD DE POSADAS, MISIONES 143

Collado M. S., I. Badano, C. P. Buemo, D. J. Liotta

GMH 7

NUEVO PROCEDIMIENTO PARA GENOTIPIFICAR UN SNP (SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM): TETRA- PRIMERS ARMS-PCR 144

Olmos Nicotra M. F., I. I. González, S. E. Siewert, S. Filipuzzi, M. S. Ojeda

GMH 8

PREVALENCIA DEL SNP METILENTETRAHIDROFÓLICO REDUCTASA (MTHFR) C677T EN MUESTRAS CONTROL Y CON CÁNCER DE MAMA 144

Tiscornia M. M., M. E. Rojas, M. A. Lorenzati, P. D. Zapata

GMH 9

ESTUDIO DEL POLIMORFISMO *TaqIB* EN FAMILIARES DE PRIMER GRADO DE PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2 CON Y SIN SINDROME METABÓLICO 145

Della Vedova M. C., I. I. González, S. E. Siewert, S. Filipuzzi, M. S. Ojeda

GMH 10

ESTUDIO DE LOS SNPS DE *SSTR2*, A-167G CON PCR, Y DEL T80C CON HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS, EN CARCINOMAS PROSTÁTICO Y MAMARIO 146

Tiscornia M. M., M. A. Riera, B. J. Chaneton, M. J. Caldez, L. Fargnoli, M. A. Lorenzati, P. D. Zapata

GMH 11

ESTUDIO DE VARIANTES ALÉLICAS EN EL GEN METILENTETRAHIDROFOLATO DESHIDROGENASA (MTHFD) Y SU ASOCIACIÓN CON DEFECTOS DEL CIERRE DEL TUBO NEURAL 146

Espeche L. D., R. Liascovich, E. Goldschmidt, L. B. Dain, N. D. Buzzalino

GMH 12

IMPACTO DE LA CONVERSIÓN GÉNICA ASIMÉTRICA EN LA EVOLUCIÓN MOLECULAR DE LOS DUPLICONES QUE MEDIAN LA INVERSIÓN DEL INTRÓN 22 (INV22) EN LA HEMOFILIA A (HA) HUMANA: EVALUACIÓN *IN-SILICO* 147

Tetzlaff G. T., M. Abelleyro, C. P. Radic, C. D. De Brasi

GMH 13

POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE (SNPS) EN EL GEN XRCC1 Y SU ASOCIACIÓN CON EL RIESGO DE DESARROLLO DE CÁNCER CERVICAL INVASOR 147

Barbisan G., L. O. Pérez, L. Difranza, N. Ciancio, C. D. Golijow

GMH 14

ESTUDIO PRENATAL DE DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE 148

Gilberto F., V. Ferreiro, F. Massot, M. Ferrer, G. Piazza, I. Szijan

GMH 15

- USO DE LA HIBRIDACIÓN FLUORESCENTE *IN SITU* PARA LA DETECCIÓN DE BACTERIEMIAS EN PACIENTES CON SÍNDROME SÉPTICO 149
 Cómito M. L., M. L. Vilaró, E. A. Moscone

Comunicaciones libres: Genética médica**GMED 1**

- PACIENTE CON RETARDO MENTAL, OBESIDAD, FACIES PECULIAR Y APERTURA DEL ÁNGULO MANDIBULAR: ¿SÍNDROME DE SHASHI? 150
 Palermo A. J., M. Morata, R. D. Carrero Valenzuela

GMED 2

- TRISOMIA 9P RESULTADO DE UNA TRANSLOCACIÓN T (9,15) DESBALANCEADA DE NOVO 150
 Quaglio A. L., S. N. Carbognani, P. A. Quaglio, H. C. Quaglio†, H. F. Quaglio

GMED 3

- DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE / BECKER: IDENTIFICACIÓN DE UNA MUTACIÓN EN UN PACIENTE CON FENOTIPO INTERMEDIO 151
 Ferreiro V., F. Giliberto, L. Francipane, G. Moya, S. Díaz, M. Roque Moreno, I. Szijan

GMED 4

- SÍNDROME BARAITSER PIERSON (BRAQUIFALANGIA POLIDACTILIA, Y APLASIA/HIPOPLASIA TIBIA): PRESENTACION DE UN CASO Y REVISION DE LA LITERATURA 151
 Bidondo M. P., J. A. Garrido, E. Gil, M. L. Teiber, C. Z. Barreiro

GMED 5

- IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE AGREGADOS GEOGRÁFICOS DE 25 DEFECTOS CONGÉNITOS EN SUDAMÉRICA 152
 Gili J. A., Poletta F. A., Comas B., Campaña H., Rittler M., Cosentino V. R., López Camelo J. S.

GMED 6

- FAMILIA TUCUMANA CON NEUROPATÍA HEREDITARIA SENSITIVO-MOTRIZ LIGADA AL X (CMTX) Y DOS MUTACIONES DIFERENTES EN *GJB1/CX32* 153
 Gerding W. M., J. Kötting, J. T. Epplen, L. Rey, R. D. Carrero Valenzuela

GMED 7

- DISTRIBUCION ESPACIAL DE LA MORTALIDAD INFANTIL POR MALFORMACIONES CONGÉNITAS EN ARGENTINA 153
 Bronberg R. A., E. L. Alfaro, E. Chaves, J. E. Dipierri, J. Lopez Camelo, E. E. Castilla

GMED 8

- REPORTE DE DOS CASOS DE TRISOMIA 16Q PRODUCTO DE UNA TRANSLOCACION BALANCEADA T(13;16) DE ORIGEN MATERNO 154
 Quaglio P. A., S. N. Carbognani, A. L. Quaglio, H. C. Quaglio†, H. F. Quaglio

GMED 9

- CONDICIÓN SOCIOECONÓMICA ADVERSA Y DEFECTOS DEL DESARROLLO.
 IMPACTO DE FACTORES INVOLUCRADOS EN LA POBREZA EN ARGENTINA 154
 Pawluk M. S., H. Campaña, J. S. López-Camelo

GMED 10

- DETECCION MOLECULAR DE LA MUTACION CD39 CAUSANTE DE \hat{A} -TALASEMIA
 EN UN GRUPO DE PACIENTES DE POSADAS, MISIONES 155
 Riera M. A., N. R. Labandera, L. N. Nemeth, P. D. Zapata, Z. E. Galeano

GMED 11

- INVERSIÓN PERICÉNTRICA DEL CROMOSOMA 4: DIAGNÓSTICO PRENATAL 155
 Teiber L., G. Moya, V. Collia, M. Drut, M. Bello, S. Díaz

GMED 12

- ESTUDIO POR MLPA EN CUATRO PACIENTES CON RASGOS CLÍNICOS DEL
 SÍNDROME DE DELECCIÓN/ DUPLICACIÓN 22Q11.2 156
 Ramirez J., M. I. Echeverría, A. Mampel, M. Marino, A. Gallardo, A. M. Schroh,
 C. R. Arce, E. A. Calderón, A. L. Vargas

GMED 13

- IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE AGREGADOS GEOGRÁFICOS DE 25 DEFECTOS
 CONGÉNITOS EN SUDAMÉRICA 156
 Gili J. A., F. A. Poletta, B. Comas, H. Campaña, M. Rittler, V. R. Cosentino,
 J. S. López Camelo

GMED 14

- ANOMALÍAS MENORES COMO PREDICTORAS DE DEFECTOS MAYORES 157
 Campaña H., M. S. Pawluk, J. A. Gili, F. A. Poletta, V. R. Cosentino, M. Rittler,
 J. S. López Camelo

GMED 15

- VALORACIÓN DEL ESTADO DE LA PRÁCTICA DEL CONSENTIMIENTO INFORMADO
 POR LOS PROFESIONALES DE LOS SERVICIOS DE GENÉTICA MÉDICA DE LA
 CIUDAD DE BUENOS AIRES, ARGENTINA 158
 Moya G.

GMED 16

- SÍNDROME DE CROMOSOMA X FRÁGIL: EXPERIENCIA DE DIAGNÓSTICO PRENATAL
 EN TRES FAMILIAS 158
 Moya G., F. Masllorens, V. Ferreiro, V. Collia, S. Díaz

GMED 17

- TETRAPLOIDIA EN BIOPSIAS CORIÓNICAS DE VELLOSIDADES CORIALES
 POR MÉTODO DIRECTO: EXPERIENCIA EN 55 CASOS 159
 Masllorens F., G. Moya, D. Domínguez Cáceres, S. Díaz

GMED 18

- TRISOMÍA PARCIAL 7Q22 QTER; MONOSOMÍA 20P EN UN NIÑO PRODUCTO DE UNA T(7;20)(Q22;P11)MAT 159
 Gil E., L. A. López Miranda, M. N. Poli, G. J. Zanier, J. H. M. Zanier

GMED 19

- ARTROGRIPOSIS LIGADA AL CROMOSOMA X. PRESENTACION EN UNA PACIENTE CON MONOSOMIA DEL X. 160
 Dellamea C., R. Armando, M. P. Bidondo, M. L. Teiber, E. Gutiérrez, C. Z. Barreiro

GMED 20

- PACIENTE CON RETARDO MENTAL, OBESIDAD, FACIES PECULIAR Y APERTURA DEL ÁNGULO MANDIBULAR: ¿SÍNDROME DE SHASHI? 160
 Palermo A. J., M. Morata, R. D. Carrero Valenzuela

GMED 21

- ARTROGRIPOSIS LIGADA AL CROMOSOMA X. PRESENTACION EN UNA PACIENTE CON MONOSOMIA DEL X 161
 Dellamea C., R. Armando, M. P. Bidondo, M. L. Teiber, E. Gutiérrez, C. Z. Barreiro

Comunicaciones libres: Citogenética humana**CH 1**

- TRANSLOCACIÓN FAMILIAR T(17;19) (P13.3;Q13) SEGREGADA A TRAVÉS DE 4 GENERACIONES 162
 Casali B., A. Boywitt, M. C. Fernández, R. De Bellis, C. Arberas, A. M. Tello, G. del Rey

CH 2

- DESCRIPCION DE UN CROMOSOMA PHILADELPHIA VARIANTE EN UN PACIENTE CON LEUCEMIA MIELOIDE CRÓNICA 162
 Gutiérrez L. G., A. Rolón, A. M. Melnichuk, A. S. Fenocchio

CH 3

- TRISOMIA PARCIAL 6P Y MONOSOMIA 15Q HEREDADOS DEL REARREGLO CROMOSOMICO COMPLEJO PATERNO: T(6;18;15) (P21.3;Q11.2;Q26.1) 163
 Alú M. F., J. A. Herrera, M. P. Bidondo, C. C. Picón, C. A. Dellamea, E. G. Torales, C. Z. Barreiro, M. Gallego

CH 4

- SÍNDROME DE ANEUPLOIDÍA VARIADA EN MOSAICO UN RECIÉN NACIDO POLIMALFORMADO 164
 Furforo L., N. Mazzitelli, C. Hernandorena, D. Bischocha, M. Rittler

CH 5

- TRISOMÍA 10Q, PRODUCTO DE UNA DELECIÓN INSERCIÓN INVERTIDA DEL CROMOSOMA 10 MATERNO 164
 López Miranda L. A., E. Gil, M. N. Poli, G. J. Zanier, J. H. M. Zanier

CH 6

DELECIÓN TERMINAL DEL CROMOSOMA 15 (Q26-QTER) IMPLICANDO AL RECEPTOR IGF TIPO 1 (IGF-1R) ASOCIADO CON SEVERO RETARDO DE CRECIMIENTO Y FENOTIPO PECULIAR 165

del Rey G., M. Gutierrez, V. Figueroa, I. Fernandez, A. Boywitt, R. De Bellis, O. Brunetto, R. Coco

CH 7

SÍNDROME 48,XXYY: DESCRIPCIÓN FENOTÍPICA Y EVALUACIÓN DEL CARIOTIPO, A PROPÓSITO DE DOS NUEVOS CASOS 165

Boywitt A., C. Arberas, M.J. Guillamondegui, R. De Bellis, M.C. Fernández, A. Tello, G. del Rey

Comunicaciones libres: Docencia**D 1**

EL DESARROLLO DE UN MODELO SOBRE LA BASE DE LA PRÁCTICA CLÍNICA: LA GENÉTICA EN LA ATENCIÓN PRIMARIA 167

Bidondo M. P., E. Acevedo, F. De Castro, C. Dellamea, J. A. Garrido, E. Gutiérrez, A. Luna, C. Picón, M. V. Torrado, E. K. Torres, C. Z. Barreiro

D 2

¿EXISTE UNA ÚNICA GENÉTICA GENERAL? COMPARACIÓN DE DOS CURSADAS EN CARRERAS CON DIFERENTES ORIENTACIONES 167

Defacio R., R. D. Lorea, L. Appendino, G. R. Pratta

D 3

INNOVACIONES PEDAGÓGICAS EN UN CURSO DE MEJORAMIENTO GENÉTICO 168

Marcellán O. N., J. Lúquez, F. Castaño

D 4

ESQUEMAS ALTERNATIVOS DE EVALUACIÓN PARA DISMINUIR EL TIEMPO ENTRE EL EXAMEN FINAL Y LA REGULARIZACIÓN DE LA ASIGNATURA GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL 168

Baltian L. R., D. A. Peratta, M. D. Olivares

D 5

CAPACITACIÓN DE ALUMNOS DEL POLIMODAL EN FACTORES DE RIESGOS Y MEDIDAS DE PREVENCIÓN PRIMARIA DE LOS DEFECTOS CONGENITOS 169

Abdala M. E., S. Fontenla de Petrino, A. M. Cena

Instrucciones para publicar en *Lilloa*

Sobre el manuscrito

Los trabajos destinados a publicarse deben ser investigaciones o artículos originales inéditos sobre temas botánicos y relacionados. Deben redactarse en castellano, aunque se aceptarán también trabajos en inglés y portugués. La publicación puede adoptar carácter de:

- a) Trabajo.
- b) Comunicación.
- c) Revisión (Review).
- d) Nota.

El editor podrá recomendar el carácter del trabajo presentado, comunicándoselo al autor.

Las **Comunicaciones** corresponden a artículos de menor extensión (máximo de 1.500 palabras) y que impliquen resultados originales. Las **Notas** incluyen información científica botánica destacable, expediciones científicas importantes, necrológicas, etc.

El manuscrito debe ser conciso y estar correctamente redactado. Debe prestarse especial cuidado a la corrección gramatical y mecanográfica; asimismo, a la apropiada utilización de simbología especial, que debe ajustarse siempre a lo estrictamente necesario. La organización conceptual (jerarquía de subtítulos, gráficos, referencias, etc.) de la información debe ser clara y comprensible. Deben evitarse las redundancias y la abundancia innecesaria de elementos tipográficos, simbólicos, etc.

Preparación del texto

Los trabajos deben estar escritos a doble espacio e impresos de un solo lado de la hoja. Todo el texto debe estar alineado a la izquierda y completamente desprovisto de recursos gráficos innecesarios. La tipografía debe ser Arial o Times New Roman (cuerpo 12), salvo aquella simbología que exija otra fuente tipográfica. Evitar la utilización de colores, líneas, recuadros y cualquier otro tipo de dibujo o adorno visual. La tipografía debe ser siempre de color negro. Evitar todo tipo de accesorio gráfico innecesario. Evitar la utilización de TODO MAYÚSCULAS (con la sola excepción de las siglas) y de las **negritas** (salvo los subtítulos). Reservar las *cursivas* o el subrayado para los nombres científicos y las palabras en latín. Las palabras extranjeras deben ir entre comillas. Prestar especial atención a la correcta utilización de las mayúsculas iniciales: sólo las llevan los nombres propios. No utilizar notas a pie de página; en caso de necesidad, debe colocarse una referencia (superíndice o asterisco) y derivar la nota al final del trabajo. Numerar todas las páginas del trabajo, incluidas las de figuras y cuadros; éstos deben ir siempre al final. (Sin embargo en el texto no deben hacerse referencias a números de páginas del propio trabajo.) El texto debe estructurarse de modo tal que no sea necesario intercalar gráficos o figuras en medio de los párrafos; la forma apropiada es colocar la referencia ("figura 1"). Deben utilizarse las unidades del International Metric Standard, correctamente abreviadas (sin puntos: µm, mm, m, km, g, kg, ml, l, msnm); los decimales se separarán con comas y los miles con puntos. En el caso de haber simbología no convencional, matemática o alfabetos inusuales, pueden incluirse indicaciones espe-

ciales al Editor observando el cuidado que debe prestarse en la edición del trabajo.

Presentación del material

Se deben presentar tres ejemplares de cada trabajo, prolijamente impresos en papel A4 y exentos de correcciones. Asimismo debe presentarse un CD con todo el material incluido en el trabajo, correctamente digitalizado.

Nota: cuidar que la versión impresa sea exactamente la misma que la digital.

Estructura del texto

a) Título.— Debe ser breve y descriptivo. Los nombres genéricos y específicos no deberán llevar el autor de los mismos, entre paréntesis se incluirá Orden y Familia separados por dos puntos.

b) Nombres de los autores.— Apellido, primer nombre e iniciales de los nombres restantes.

c) Resumen.— Todos los trabajos deben incluir un resumen en castellano; debe ser claro, descriptivo y no mayor de 200 palabras. Debe incluir título, autores y una breve descripción del contenido, resumiendo las conclusiones e indicando, de ser pertinente, la importancia del aporte.

d) Palabras clave.— Al final del resumen deben incluirse entre 5 y 7 palabras clave.

e) Abstract.— Equivalente al resumen, debe estar correctamente redactado en inglés.

f) Keywords.— Al final del Abstract, incluir entre 5 y 7 palabras clave en inglés.

g) Subtítulos.— Sólo deben utilizarse 3 jerarquías de subtítulos: primarios (introducción, materiales y métodos, resultados y discusión, agradecimientos, bibliografía), secundarios y terciarios. Evitar la sobrecarga de subtítulos. En el caso de ser imperiosa una gran diversificación de subtítulos, los mismos deben ser numerados (1, 1.1, 1.2, 1.3, etc.), para que resulte inequívoca la pertenencia de cada uno.

g.1) Introducción.— Incluirá los antecedentes, objetivos perseguidos y las hipótesis de trabajo cuando corresponda.

g.2) Materiales y métodos.— Incluirá el material estudiado, con mención de la Institución donde se encuentran depositados; su descripción si correspondiere, los métodos, técnicas, aspectos ambientales, análisis estadísticos, etc.

g.3) Resultados.— Incluirá toda la información obtenida a partir de los estudios llevados a cabo.

g.4) Discusión.— Allí se explicitará el alcance de los aportes en función de los antecedentes existentes en el tema. Si la índole del trabajo lo permite, Resultados y Discusión pueden unirse en un solo subtítulo.

g.5) Conclusiones.— Si fuera pertinente en razón de la longitud del trabajo, Discusión y Conclusiones pueden unirse en un subtítulo.

g.6) Agradecimientos.—

g.7) Bibliografía.— Debe incluir todas y solamente las referencias efectivamente citadas en el texto.

h) Cuadros y figuras.—

i) Títulos y explicaciones (epígrafes) de cuadros y figuras.— Ver más adelante lo relacionado con las figuras.

En el caso de las **Comunicaciones** debe incluirse: título, autores, dirección de éstos, resumen en inglés que no excederá las 150 palabras, palabras clave y a continuación el texto del trabajo en un solo cuerpo, sin subtítulos, y al final la bibliografía.

Las **Notas** constarán de título, autores y texto, sin divisiones.

Cuadros

Deben ser lo más breves y simples posible, con la misma tipografía del texto, sin utilizar colores ni adornos gráficos y evitando el exceso de columnas. Las líneas que lo compongan deben ser estrictamente las necesarias. Deben ser numerados de acuerdo a su secuencia en el texto. Éste debe incluir referencias a todos los cuadros del trabajo. Los cuadros deben presentarse en páginas aisladas, al final del texto, y no dentro de él. Cada cuadro debe llevar su título explicativo y, de ser necesario, un epígrafe que mejore su lectura o comprensión. La impresión de los cuadros presentada por los autores debe ser sumamente prolija.

Figuras

Son figuras todas las ilustraciones, fotografías, mapas o gráficos que acompañen al texto o que integren una lámina. La numeración de las figuras se hará según la secuencia del texto. Los epígrafes deben escribirse en hoja aparte, al final del trabajo. Si se usan indicaciones de aumento (por uso de lupa o microscopio), éstas deben ser en forma de barras con indicación de equivalencia de longitud (en micrómetros o milímetros).

a) Fotografías.— Deben presentar la mayor calidad gráfica, ser sumamente claras y, en lo posible, tomadas con cámara digital. Evitar las fotografías muy pequeñas. En el caso de ser fotografías de microscopio electrónico, adjuntar los archivos digitales originales.

b) Dibujos y mapas.— Los dibujos deben presentarse realizados en cartulina blanca y con tinta negra. En el caso de sombreado con grafito, evitar los medios tonos excesivamente tenues o sutiles; el contraste en todo el dibujo debe ser nítido. Los mapas deben estar realizados en forma simple y concisa, cuidando al máximo su calidad gráfica; evitar los colores innecesarios y la tipografía escrita a mano.

c) Gráficos realizados en computadora.— Siempre que se pueda, debe generarse un mapa de bits (TIF, EPS o incluso JPG) desde la aplicación de origen en donde se elaboró el gráfico. Los gráficos realizados con Excel deben presentarse en su formato original (XLS) y no pegados en Word. Evitar la utilización de colores a menos que sean absolutamente necesarios. En todos los casos debe imprimirse el gráfico con suma prolijidad y buen tamaño, considerándolo equivalente a un dibujo artístico.

d) Presentación en papel.— Las figuras deben presentarse separadas del texto y su tamaño debe considerar la proporción de la caja de impresión de la revista (14 x 21 cm). Deben estar preparadas con suma prolijidad, ya sean fotografías originales, dibujos originales, collages o impresiones de computadora; debe cuidarse al máximo este aspecto, así como la prolijidad de la tipografía incluida. Deben tratarse con el mayor cuidado los papeles, sin doblarlos y colocándolos en folios plásticos. Debe identificarse cada pieza

en su reverso con número de figura, autores y título del trabajo.

e) Presentación digital.— En todos los casos, la digitalización de las figuras debe realizarse con la máxima calidad gráfica. La resolución debe ser de 400 a 600 DPI ("dots per inch", o puntos por pulgada). El formato debe ser TIF o EPS. Si se utiliza el formato JPG, cuidar de que su configuración de compresión tenga la máxima calidad. En el caso de los gráficos realizados en computadora, deben presentarse, además de los mencionados mapas de bits, los archivos originales (Excel, Corel Draw, etc.).

Bibliografía

En el texto se indicará el apellido del autor del trabajo citado, sin las iniciales del nombre, más el año de publicación. Si la referencia es sobre dos autores se deben incluir los apellidos de ambos y el año. Si se tratara de más de dos autores se colocará el apellido del primero y a continuación la expresión *et al.* En la bibliografía, sin embargo, se colocarán los apellidos de los autores con sus iniciales. Las referencias citadas en forma conjunta en el texto deben ser escritas en forma cronológica. En la bibliografía se ordenará la lista por orden alfabético de autores, y si varias correspondieren a un mismo autor, en forma cronológica. Si un autor es mencionado también con coautores, se debe respetar el siguiente orden: primero, publicaciones del autor solo; segundo, publicaciones del autor y un coautor; luego las publicaciones del autor con dos o más coautores y así en forma creciente. Cuando coincidan autor (o autores) y año de publicación se ordenarán cronológicamente añadiendo una letra al año (2001a, 2001b, 2001c, etc.). Las publicaciones periódicas consignarán: autor, año, título, nombre completo de la publicación, volumen (siempre) y parte o sección (si fuera necesario); luego se colocarán dos puntos (:) y los números de las páginas inicial y final. Las obras monográficas citadas consignarán: autor, año, título, editorial, lugar, páginas.

Se aconseja utilizar el siguiente esquema para ordenar las citas bibliográficas.

Publicaciones periódicas:

García, J. 1972. Efecto de la temperatura sobre el metabolismo de invertebrados. *Acta Fisiológica* 8: 23-27.

Garrocho, L.; P. Molinos & T. Dolce. 1990. Estructura de ganglios linfáticos en peces. *Revista de Histología*, 1: 67-78.

Simposios, números especiales de publicaciones periódicas, etc.:

Hernández, J. M. 1988. Relación entre frecuencia cardíaca y peso en mamíferos. En: P. Pérez y J. Márquez (editores), *Adelantos sobre morfología de órganos circulatorios*. *Revista Morfológica*, 23: 299-325.

Libros:

Rodríguez, O. 1966. *Parásitos de las aves en Costa Rica*. Editora Centroamericana, México, 344 pp.

Carmelo, L. T. 1988. Las células de la sangre en ciclóstomos. En: J. Rieder, T. Smith & J. Abelardo (editores), Vertebrados ectotermos. Fondo de Cultura Científica, Buenos Aires, pp. 78-98.

Cuando se trate de informes, notas, etc., de carácter inédito, se colocarán los nombres de los autores, el año, el título del trabajo, el lugar (departamento, instituto) de origen, la denominación interna, si la hubiere, del informe, luego la palabra "inédito" entre paréntesis y el número de páginas.

Cuando se referencien comunicaciones personales se debe poner el nombre del autor, las palabras "comunicación personal" ("com. pers.") y el año.

Fórmulas

La notación de las fórmulas debe ser clara y prolija, dejando suficiente espacio a su alrededor. Es aconsejable utilizar algún editor de ecuaciones especializado (p. ej., el de Microsoft Office). Los caracteres subíndices y superíndices deben ser claros, con un tamaño bien legible. Se debe distinguir claramente entre la letra O y el número 0 (cero). Se debe escribir el significado de los componentes de la fórmula inmediatamente después de ésta. Si las ecuaciones son citadas en el texto se las debe numerar entre paréntesis. Se recomienda el uso de potencia fraccionaria en vez del uso de raíces. Los niveles de significancia estadística pueden mencionarse utilizándose el valor de P ($p = 0,022$), el valor relativo de P ($p < 0,05$; $p < 0,01$; $p < 0,001$), o asteriscos (*, **, ***, para las significancias menores de 0,05; 0,01; 0,001 respectivamente).

En las fórmulas químicas las valencias de los iones se deben escribir en superíndices, como números (p. ej., Ca^{2+} y no Ca^{++}).

Nomenclatura

Se respetarán las reglas de nomenclatura biológica [International Code of Zoological Nomenclature, 4ª Edición 1999 [<http://www.iczn.org/iczn/index.jsp>]; IC Botanical Nomenclature, ICN of Bacteria, etc.). La sinonimia debe reducirse al mínimo u omitirse totalmente cuando su inclusión no fuere absolutamente necesaria. Todos los animales serán identificados por su nombre científico en bastardillas; serán excepciones atendibles los animales domésticos. Los nombres científicos llevarán el apellido o sigla del autor y el año de publicación en el Abstract y por lo menos una vez, preferentemente la primera, en el texto; en el resto del

trabajo se prescindirá de ellos en lo posible. Todas las sustancias biocidas y contaminantes serán adecuadamente identificadas por sus nombres químicos y comunes. Para la nomenclatura química se utilizará la correspondiente a la International Union of Pure and Applied Chemistry, la IUPAC-IUB Combined Commission on Biochemical Nomenclature.

Los autores se asegurarán que, cuando se reproduzca información no propia, no infrinjan los derechos de Copyright. Asimismo, se da por aceptado que la presentación de trabajos para ser publicados por la Fundación Miguel Lillo implica la cesión de derechos de autor a esta institución.

De la aceptación y la publicación

La revista no aceptará los trabajos que no se ajusten a estas instrucciones. Los editores solicitarán el juicio de, por lo menos, dos especialistas que actuarán como árbitros para evaluar los trabajos presentados. Los trabajos que vuelvan a los autores para ser corregidos serán presentados nuevamente en una versión rectificada, sin adendas ni tachaduras. Una vez aceptado el trabajo definitivo no serán aceptadas más correcciones ni adendas, excepto cuando ocurra que, entre el tiempo de presentación y aceptación, hubiera aparecido alguna contribución importante sobre el tema, la que se podrá incluir en una adenda final. Los editores no se hacen responsables de extravío de los trabajos, tampoco la Fundación Miguel Lillo ni ninguno de sus miembros. El autor recibirá, sin cargo, 50 separatas. Los autores podrán requerir oportunamente la impresión, a su cargo, de un número mayor de separatas.

Consultas al Editor

Por cualquier consulta o necesidad de asistencia técnica para cumplir con estas instrucciones, los autores pueden comunicarse con el Editor o con la Secretaria Editorial de la Revista, o bien con el Departamento de Comunicación Visual de la institución. Tel. + 54 381 423 1860 (Dirección de Botánica) Fax + 54 381 433 0868 (Dirección General) Tel. + 54 381 451 4494 (Comunicación Visual) fmlbot@tucbbs.com.ar

Envío de originales

El material debe ser enviado a:
Revista *Lilloa*
Fundación Miguel Lillo
Dirección de Botánica
Miguel Lillo 251
(4000) S. M. de Tucumán
Argentina

