

CONFERENCIA INAUGURAL “DR. FRANCISCO SÁEZ”

DE LA REVOLUCIÓN NEOLÍTICA A LA REVOLUCIÓN VERDE EN LA ALIMENTACIÓN HUMANA

Salerno J.C. Instituto de Genética “Ewald A. Favret”, INTA-Hurlingham.

e-mail: salerno.juancarlos@inta.gob.ar

La revolución neolítica marcó el cambio de la humanidad hacia la producción de alimentos a través de la domesticación de plantas y animales, que permitió alimentar a más gente y al crecer la población se fundaron las primeras ciudades. La Revolución Verde desde la óptica de la genética y el mejoramiento fue realizada con los conocimientos de la genética mendeliana tradicional. Indudablemente los principios de la genética cuantitativa contribuyeron a seleccionar el germoplasma adecuado y a lograr las mejores combinaciones para mayores rendimientos. Pero los espectaculares aumentos en el rendimiento del trigo y también del arroz durante esta revolución, fueron posibles gracias a la incorporación de caracteres cualitativos como el enanismo (genes autosómicos *Rht-B1b* y *Rht-D1b*, *semi-dwarfing alleles*, provenientes del trigo enano japonés Norin 10). Esa incorporación en las nuevas variedades por Norman Borlaug, permitió la revolución por la adaptación de la estructura de la planta para intensificar el cultivo. La clave para cuantificar este efecto es que 10⁹ vidas fueron salvadas de morir de hambre o de seguir desnutridas. Esa revolución verde adaptó la estructura de la planta a la agricultura moderna y logró alimento abundante como nunca antes. Se plantea el efecto ambiental relacionado al consumismo y asociado a la plasticidad y a la dinámica de las conductas humanas que, entre otras cosas, desequilibran las dietas y conllevan a los trastornos alimentarios.

CONFERENCIA PLENARIA “Ewald A. Favret”

APROXIMACIÓN EPISTEMOLÓGICA A LA GENÉTICA ECOLÓGICA DE ESPECIES FORESTALES

Gallo L.A. Grupo de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal. INTA, EEA Bariloche.

e-mail: gallo.leonardo@inta.gob.ar

La evolución de la genética como ciencia de la herencia ha seguido el mismo derrotero de la ciencia en general ajustando sus valores epistémicos al desarrollo de las sociedades, a la prevalencia de las diferentes ideologías y a los designios del poder económico. Algunos de los principios fundadores de la revolución científica forjados en el siglo XVII perseveran y se acentúan en nuestros días. La facilidad actual para la matematización de los procesos biológicos a través del uso computacional y de otras tecnologías se ha extendido en algunos casos más allá de lo biológicamente razonable. Por otro lado, la presión del sistema tradicional de evaluación científica que sigue también el axioma capitalista de “obtener la mayor productividad en el menor tiempo posible” atenta adicionalmente contra la calidad de la información que se brinda a la sociedad. Ambos sesgos, matematización excesiva y presión para la producción científica, incrementan la probabilidad de que la ciencia se transforme en un intento de lograr conocimiento a través de la sistematización de la ignorancia. Aún así, surgen atisbos de verdades temporarias que contribuyen a avanzar en el desarrollo científico y que describen tendencias, diferencias cualitativas y equilibrios de fuerzas contrapuestas alejados del cero. Todo ello se complica aún más cuando el objeto de estudio resulta ser un organismo longevo y fijo a un sitio como es el caso de los árboles y que conforman en conjunto el ecosistema terrestre más complejo: el bosque. La complejidad aumenta cuando el ser humano lo habita y utiliza. ¿Cuál es el aporte de la genética forestal en este contexto? Treinta y cinco años de trabajo en el campo del mejoramiento genético, la genética de poblaciones y la genética ecológica forestal aplicados a resolver problemas concretos y de manera participativa en el ámbito de la conservación y el uso de los recursos genéticos forestales, permiten hacer un análisis crítico retrospectivo de la evolución de estas disciplinas en paralelo con la de la sociedad. Existe un camino posible hacia la generación de conocimiento que posibilita al investigador ser también el constructor del desarrollo

científico con compromiso social, respetando los valores y conocimientos culturales y considerando una distribución equitativa de los beneficios económicos de su actividad.

SVALBARD GLOBAL SEED VAULT – A BACK-UP SEED BANK OF THE WORLD’S CROP GENETIC RESOURCES; ALSO OF SEED LOTS OF FOREST TREE SPECIES?

Skrøppa T. Norwegian Forest and Landscape Institute and Nordic Genetic Resource Center (NordGen) PO Box 115, 1431 Ås Norway.
e-mail: tore.skroppa@skogoglandskap.no

The Svalbard Global Seed Vault provides facilities for the safety deposit of samples of seed of distinct genetic resources of importance to humanity, under black box arrangements and in permafrost conditions supplemented by refrigeration in accordance with internationally agreed standards. The Seed Vault was established by the Norwegian Government in 2008 at 78 degrees North in the Norwegian village of Longyearbyen, on Svalbard, the farthest north you can travel in the world on regularly scheduled commercial jet flight. It is managed in a tripartite arrangement between the Norwegian Ministry of Agriculture and Food, the Global Crop Diversity Trust and the Nordic Genetic Resource Center. The last organization is responsible for the day to day operation and management and organizes deposits in the Seed Vault. The Seed Vault offers the most secure back-up possible for a worldwide network of gene banks that together conserve and make available the biological foundation of agriculture. It contains duplicates of collections of all the world’s major seed crops and a huge range of minor crops. The Seed Vault has a capacity of 4.5 million distinct samples. The seeds are stored in “black-box conditions”, meaning that seed storage boxes remain the property of the institution that sent them, and are not even opened by any party other than the depositor. The storage is provided free of charge. At present, there are 824.625 seed sample of agricultural crops in the Vault, origination from 232 countries of the world. Long-term *ex situ* storage of seed lots of forest tree species for gene conservation purpose has been done to a lesser extent. Recently, a proposal has been put forward to deposit and store seed samples of forest tree species at Svalbard Global Seed Vault, initially restricted to the two species *Pinus sylvestris* and *Picea abies* from the Nordic countries. The main objectives would be to: conservation of seed samples from natural populations to secure back-

up storage for future monitoring of long-term changes in genetic diversity; conservation of seed samples from different stages and generations of breeding populations or seed orchards to monitor changes in genetic diversity taking place during breeding operations; conservation of back-up seed samples of threatened populations, of gene reserve forests or other in situ conservation units.

APLICACIÓN DE ARRAYS COMO HERRAMIENTA DIAGNÓSTICA DE ENFERMEDADES GENÉTICAS.

Lapunzina P. INGEMM, Instituto de Genética Médica y Molecular, IdiPAZ-CIBERER, Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras, ISCIII, Madrid, España.
e-mail: plapunzina.hulp@salud.madrid.org

Los *microarrays* basados en la hibridación genómica comparada (CGH *array*: aCGH) son una técnica relativamente nueva que se emplea para el análisis del genoma para la búsqueda de ganancias y pérdidas de material cromosómico. Este método tiene una resolución y un rendimiento clínico mayor que técnicas de citogenética clásica. Los aCGH han demostrado ser una herramienta muy útil en la detección de desequilibrios cromosómicos en una amplia gama de trastornos, como DI, AC múltiples, TEA y otros. Hay por lo menos tres clases de arrays de ADN: BACs, de oligonucleótidos y de SNPs (polimorfismo de un único nucleótido). Los arrays de BACs contienen ADN aislado a partir de clones que varían en tamaño desde 150 hasta 200 kb. Son muy sensibles y los resultados obtenidos se pueden validar fácilmente con hibridación *in situ* fluorescente (FISH). Sin embargo, la producción de BACs necesita una gran mano de obra y la resolución de estos arrays es limitada. Los arrays de oligonucleótidos están compuestos de miles del oligos de 50-60 bases que ofrecen una mayor cobertura del genoma. Por otro lado, los arrays de SNP se basan en la localización de cientos de miles a millones de SNPs para proporcionar una resolución extremadamente alta de todo el genoma que permite no sólo la detección de número de copias, sino también la pérdida de heterocigosidad debido a la homocigosidad de los SNPs (disomía uniparental, UPD) ó por haploinsuficiencia por deleciones. En esta ponencia, se comentarán los aspectos más relevantes de las nuevas herramientas de aCGH para el diagnóstico de las enfermedades genómicas, su uso actual y sus indicaciones principales.

RED CONBIAND, COOPERACIÓN IBEROAMERICANA EN LA GESTIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS ANIMALES

Carolino N. Instituto Nacional I de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Fonte Boa, 2005-048 Vale de Santarém, Portugal. Escola Universitária Vasco da Gama, Avenida José R. Sousa Fernandes 197 Lordemão, 3020-210 Coimbra, Portugal. CIISA-Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lisboa, Lisboa, Portugal.
e-mail: nuno.carolino@iniav.pt, carolinonuno@sapo.pt

En 1999, nueve grupos de investigación pertenecientes a seis países formaron la “Red Iberoamericana sobre la conservación de los recursos genéticos animales para el desarrollo rural sostenible”, financiada por el Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el desarrollo (Red CYTED XII-H). Esta red mantuvo su estructura aún finalizado el financiamiento del programa CYTED y en 2004 ya incluía 14 países. El compromiso asumido por los integrantes en pos de las acciones de valoración y conservación de los recursos zoogenéticos llevó a constituir en 2009 la “Asociación sobre la Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible- RED CONBIAND”. Actualmente, la RED CONBIAND engloba más de 500 investigadores de más de 40 grupos de investigación de 22 países: Argentina, Uruguay, Chile, Brasil, Paraguay, Bolivia, Perú, Ecuador, Venezuela, Colombia, El Salvador, Panamá, Guatemala, Costa Rica, México, Cuba, Portugal, España, Italia, Francia, Estados Unidos y Alemania. El objetivo central de la RED CONBIAND es la cooperación para el desarrollo científico, social y económico de Iberoamérica a través de diferentes campos de actuación, relacionados todos con la conservación de la biodiversidad: estudio, caracterización y conservación de los recursos zoogenéticos y sistemas de producción tradicionales, evaluación del impacto social y ecológico de los recursos zoogenéticos, desarrollo científico y tecnológico, formación y capacitación de técnicos.

REGULACIÓN Y EDICIÓN EPIGENÉTICA EN CÉLULAS MADRE Y TRANSDIFERENCIACIÓN CELULAR

Pereyra-Bonnet F. Investigador CONICET - Unidad de Reprogramación Celular, Instituto de Ciencias Básicas y Medicina Experimental, Hospital Italiano de Buenos Aires.
e-mail: federico.pereyra@hospitalitaliano.org.ar

La expresión génica está estrictamente controlada en los procesos celulares mediante señales químicas sobre la

cromatina y su conformación en el espacio tridimensional, que en su conjunto se denominan Epigenética. Durante el desarrollo de un organismo la diferenciación hacia los distintos tipos celulares esta modulada por mecanismos epigenéticos heredables entre las células de un mismo linaje. Además, recientemente se ha descubierto que las marcas epigenéticas son reversibles, abriendo todo un abanico de posibilidades para comprender la plasticidad de las células madre y explorar la plasticidad de las células adultas ya diferenciadas. Estos nuevos conocimientos han permitido desarrollar estrategias sofisticadas para modificar la epigenética de las células y de esta manera poder manipularlas al extremo de convertirlas en células diferentes, proceso que se denomina reprogramación celular. Nuestro grupo actualmente trabaja en estrategias para mejorar los métodos de reprogramación celular. Utilizando moléculas químicas desarrollamos una nueva aproximación para obtener células productoras de insulina reprogramando células de la piel de pacientes con diabetes tipo 1. Más recientemente hemos asistido a la reprogramación química con el sistema CRISPR/dCas9, una moderna biotecnología que actúa editando la epigenética celular en forma dirigida y puntual. Los alcances de la reprogramación celular aún están bajo evaluación de seguridad y eficacia en modelos animales, motivo por el cual se llama a la cautela al pensar en futuros ensayos.

PHENOTYPIC PLASTICITY OF NORWAY SPRUCE PROVENANCES, FAMILIES AND CLONES GROWN UNDER DIFFERENT CLIMATIC CONDITIONS IN THE NORDIC COUNTRIES

Skroppa T. Norwegian Forest Research Institute, PO Box 115, 1431 Ås, Norway.

e-mail: tore.skroppa@skogoglandskap.no

Phenotypic plasticity is the ability of a genotype to produce different phenotypes in response to distinct environmental conditions and is an attribute of its individual reaction norm. In a population of genotypes, such as a family or a provenance, its reaction norm is determined by the average performance of genotypes and is influenced by genetic variation. Little knowledge is available of the genetic variation in plasticity, its heritability, its relationship to $g \times e$ interactions and the influence on plasticity of the genetic composition of the population. In the presentation, these concepts will be discussed

based on information from both quantitative genetic traits and molecular markers in a series of Norway spruce trials planted under very diverse site conditions in four Nordic countries. The information has relevance for the composition of tree breeding populations and seed orchards and for adaptation to climate change. Eighteen field trials with Norway spruce provenances, families and clones were established in Norway, Sweden, Finland and Denmark in 1988–89. The materials comprised 20 provenances from the Nordic countries, Central and Eastern Europe; 100 full-sib families from a 10 x 10 factorial cross and 240 clones from 20 of the full-sib families in the factorial cross. The parents in the crosses were 10 Norwegian plus trees and 10 trees of East-European origin, selected after 25 years in a provenance trial in northern Sweden and grafted in a Norwegian seed orchard. Seven trials with provenances and families and nine trials with clones were measured ten growth seasons after planting, and records of mortality, tree heights and damage are available. Nine of the trials were again measured ten years later, increment cores were collected and wood density analyses have been performed. Traits characterizing phenology, which is important for adaptation under northern conditions, have been measured in short term trials and in some of the field trials. The 20 parents and the 240 clones have been characterized by microsatellite markers. Height ten growth seasons after planting were analysed by analyses of variance across sites and joint regression analyses, made separately for provenances, families and clones. For provenances, the provenance x site variance component doubled its size when all 20 provenances were analysed compared to the analysis of eight Nordic provenances. For families and clones, the variance components of families and clones within families were approximately of the same magnitude. The interaction component with sites was twice as high for families as for clones within families. The regression coefficients, estimated for individual clones within families in the joint regression analysis with site means as the dependent variable, varied significantly both among families and among clones within families. A significant relationship was found between plasticity and the timing of growth start, which is important for adaptation to the climatic conditions in the boreal forest. The results clearly demonstrate that $g \times e$ interactions of Norway spruce provenances depend on the origins of the set of provenances tested and how far they are transferred. The variation in g

e interactions among clones within families, expressed by the significant differences in regression coefficients, demonstrates that interactions exist different from those due to variation in adaptive properties at the provenance level. The phenotypic plasticity, expressed by the norm of reaction of clones within families, is under genetic control. Further analyses will be presented of relationships between adaptive traits of provenances, families and clones for a better characterisation of plasticity and $g \times e$ interactions. The performance and plasticity of selected populations with different levels of known genetic diversity based on the microsatellite markers will be characterized.

GENÉTICA Y ARTE

En memoria de mi ex discípulo y amigo Daniel Lopez Larraza
Bianchi N.O. IMBICE. La Plata, Argentina.

e-mail: nobianchi_2000@yahoo.com

¿Qué es arte? Aunque no es fácil encontrar una definición satisfactoria hay algunas condiciones que deberían cumplir las obras de arte: no existir en la naturaleza y ser la resultante de una creación del ser humano (incluyendo la acción de reproducir algo preexistente en la naturaleza o emplear elementos de la naturaleza para crear algo original); contener un simbolismo que el autor desee transmitir al público; generar una respuesta emocional en los que observan y analizan la obra. Para que el arte exista es esencial que exista un público que lo aprecie. Las variables y anomalías genéticas pueden influenciar el arte de tres maneras: (a) modificando el fenotipo del modelo en el cual se inspira el artista, (b) influenciando los sentidos, el estado cognitivo o emocional del autor o del artista que produce una obra, (c) modificando la forma en que un observador aprecia el trabajo del artista. La pintura, la escultura, la danza, la literatura y el cine ofrecen innumerables ejemplos de las tres premisas anteriores. Así como la Genética puede influenciar una expresión artística, la Genética misma, en especial la Genética molecular, ha sido empleada para generar nuevas formas de arte con real valor artístico en algunos casos, o como curiosidades interesantes en otros. El simbolismo que se intenta transmitir con una obra de arte depende del pensamiento abstracto, el cual depende de la evolución del cerebro y de la aparición de la comunicación por el habla o los gestos. Por consiguiente se analizará la eventual aparición del arte en el género *Homo*.

RAÍCES GENÉTICAS DE LA CERVEZA LAGER: LA HIPÓTESIS PATAGÓNICA

Libkind D. Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (CONICET-UNComahue), Bariloche, Argentina.
e-mail: libkindfd@comahue-conicet.gob.ar

La levadura utilizada para fabricar más del 90% de la cerveza a nivel Mundial es uno de los microorganismos más relevantes en la industria y se la conoce como *Saccharomyces pastorianus* o levadura Lager. Se trata de un híbrido aloploiploide entre una cepa cervecera de *S. cerevisiae* y una especie de *Saccharomyces* adaptada a ambientes fríos que su identidad estaba en discusión hasta hace poco. La levadura Lager, durante su domesticación a la industria cervecera, sufrió numerosas aneuploidías y mutaciones cromosómicas y génicas, que la transformaron en una excelente fermentadora de mosto cervecero a bajas temperaturas. El misterio del origen de su parental criotolerante se resolvió a raíz de estudios a nivel genómico de múltiples cepas en combinación con estudios de ecología microbiana que permitieron el descubrimiento de una nueva levadura fermentadora en la Patagonia Argentina. Esta nueva especie, asociada a bosques de *Nothofagus* endémicos de la Patagonia Andina, fue bautizada *S. eubayanus* y mostró una similitud genómica del 99,5% con la porción no-*cerevisiae* de la levadura Lager. Estudios posteriores demostraron que la diversidad genética de esta especie es suficientemente elevada como para considerarla nativa de la región y que tendría potencial para el desarrollo de levaduras cerveceras indígenas para la producción de cerveza con identidad regional.

ASTROBIOLOGÍA: EL ESTUDIO DE LA VIDA COMO UN FENÓMENO PLANETARIO

Abrevaya X.C. Instituto de Astronomía y Física del Espacio (IAFE), CONICET-UBA.
e-mail: abrevaya@iafe.uba.ar

La astrobiología es la búsqueda científica de vida o de posibilidades que ésta exista en otros planetas. Su objetivo fundamental es entender el origen, evolución y distribución de la vida en el Universo. Es un campo multidisciplinario de la ciencia que involucra conocimiento de diferentes áreas, tales como astrofísica, astronomía, química, biología y geología, entre otras. Durante esta charla me focalizaré en varios aspectos fundamentales de este campo a modo de introducción y

luego en algunos de los proyectos interdisciplinarios que son parte de mi trabajo en el área, que involucran una fuerte interacción, principalmente, entre la astrofísica y la biología. Estos estudios, que implican abordajes tanto teóricos como experimentales, se relacionan a la influencia de la radiación en el origen de la vida y en la habitabilidad planetaria, debido a que es sabido que la radiación puede tener efectos directos o indirectos sobre la vida “tal como la conocemos”. Tanto la Tierra primitiva como planetas que se encuentran dentro o fuera del Sistema Solar, así como sus respectivas estrellas, resultan objetos de estudio en estos proyectos. Así mismo, mostraré algunos de los experimentos realizados en condiciones de laboratorio, que implican simulaciones planetarias o del medio interplanetario y los resultados obtenidos, que demuestran la flexibilidad de la vida de tipo terrestre, en particular microorganismos, para sobrevivir a estas condiciones exóticas.