
ESPACIO JOVEN

Coordinador: Rodríguez G.R. Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, CONICET.
e-mail: grodrig@unr.edu.ar

2014

ORIGEN Y ESTABLECIMIENTO DE NEOPOLIPLOIDES EN POBLACIONES NATURALES DE *Turnera sidoides*

Kovalsky I.E. Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Corrientes (Argentina). Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE).
e-mail: evelinkov@yahoo.com.ar

Turnera sidoides ($x=7$) es un complejo autoploiploide de hierbas perennes con niveles de ploidía desde $2x$ hasta $8x$. A fin de contribuir a la comprensión de los mecanismos de origen y establecimiento de los neopoliploides de este complejo, se analizaron citogenéticamente poblaciones diploides naturales y experimentales de *T. sidoides*. Los resultados revelaron una gran variación en la frecuencia de producción de polen $2n$ y $4n$ y aportaron las primeras evidencias de producción de gametos femeninos $2n$. La restitución nuclear en la primera división meiótica sería el principal mecanismo citológico involucrado en la producción de gametos $2n$. El análisis de las esporadas y la viabilidad del polen demostraron que los $3x$ no son completamente estériles y forman gametos viables n y $2n$. La capacidad de producir polen $2n$ no se transmitiría por herencia mendeliana simple. La frecuencia de neopoliploides detectada concuerda con la frecuencia esperada en especies diploides no híbridas. Los citotipos están segregados espacialmente aunque, a escala de micrositio, coexisten individuos $2x$ y $3x$ junto a productores de gametos masculinos y/o femeninos $2n$. La poliploidización sexual (unilateral y bilateral) sería el mecanismo de origen de poliploides en el complejo. El establecimiento de neopoliploides constituiría una etapa crítica, siendo su baja frecuencia el resultado de fallas en el establecimiento y no de su baja tasa de formación. La producción de gametos $2n$ aumentaría la probabilidad de establecimiento y la persistencia de los neopoliploides en las poblaciones diploides de *T. sidoides*.

ESTUDIO DEL ROL DEL FLUJO GÉNICO Y DE LA DERIVA GENÉTICA EN LA DETERMINACIÓN DE LA ESTRUCTURA DE LAS POBLACIONES FRAGMENTADAS DE *Anadenanthera colubrina* VAR. CEBIL (FABACEAE, FABALES)

Barrandeguy M.E. Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. Instituto de Biología Subtropical (UNAM-CONICET).
e-mail: ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

Flujo génico es un término amplio que incluye todos los mecanismos resultantes en el movimiento de genes entre poblaciones, ocurriendo en especies vegetales mediante el movimiento del polen y de las semillas. *Anadenanthera colubrina* var. cebiles un recurso nativo Sudamericano cuya distribución en Argentina se restringe a las provincias fitogeográficas Paranaense y de las Yungas. La hipótesis sobre la cual se sustentó el presente trabajo sostiene que el flujo génico homogeneiza las frecuencias génicas entre las poblaciones contrarrestando los efectos de la deriva genética provocados por la fragmentación. Los objetivos generales de este trabajo fueron: indagar acerca del rol evolutivo del flujo génico y de la deriva genética como fuerzas modeladoras de las frecuencias génicas en las poblaciones fragmentadas y determinar la importancia del movimiento de los alelos a través de la dispersión de las semillas y del polen. Se estudiaron 69 individuos pertenecientes a cuatro poblaciones del Norte argentino empleando marcadores microsatélites nucleares específicos, desarrollados para esta especie en el presente trabajo, y microsatélites cloroplásticos utilizando cebadores universales. Se estimó diversidad genética, estructuración genética y flujo génico de manera indirecta. Además, se analizó la proporción relativa de flujo génico mediado por polen y semillas. La hipótesis de trabajo no se rechaza al considerarse el rol del flujo génico y de la deriva genética a nivel del genoma nuclear mientras que, a nivel del genoma cloroplástico, la deriva genética ha jugado el rol principal.

RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS EN GIRASOL: EVALUACIÓN FENOTÍPICA, BIOQUÍMICA Y DE LA EXPRESIÓN DE GENES AHAS

Breccia G. Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.
e-mail: gbreccia@unr.edu.ar

La resistencia a herbicidas imidazolinonas (IMI) en girasol de la fuente *Imisun* está controlada por dos loci: *Imr1* e *Imr2*. El primer locus se corresponde con una mutación de *ahas1*, uno de los tres parálogos que codifica para la subunidad catalítica de la acetohidroxiácido sintasa (AHAS). Se desconoce el mecanismo relacionado con el locus *Imr2*. Los objetivos de este trabajo fueron caracterizar la resistencia a IMI en estadios tempranos del desarrollo y cuantificar la expresión de los genes *ahas* en girasol. Bioensayos de germinación en condiciones controladas permitieron caracterizar la respuesta a imazapir en genotipos con distinto grado de resistencia a IMI. El crecimiento y desarrollo del sistema radical y la expansión del primer par de hojas fueron los parámetros más sensibles para discriminar estos genotipos. La actividad AHAS *in vivo* permitió distinguir genotipos que difieren a nivel de *Imr1*. Los niveles de transcriptos *ahas* fueron cuantificados mediante RT-qPCR en hojas y raíces de plántulas control y tratadas con IMI. Estos niveles se correspondieron con la actividad AHAS evaluada *in vivo* e *in vitro*. El tratamiento con IMI produjo respuestas tejido y gen-específicas. Para evaluar la participación de citocromo P450 monooxigenasas (P450s) en la detoxificación del herbicida, se evaluó la respuesta bajo el tratamiento combinado de IMI e inhibidores de P450s. Se observó una disminución de parámetros de crecimiento por el tratamiento combinado en la línea resistente por lo que existiría un mecanismo de detoxificación del herbicida mediado por P450s. Éste estaría relacionado al locus *Imr2* y completaría la resistencia conferida por la mutación en *ahas1*.

ANÁLISIS GENÓMICO DEL CONTENIDO Y COMPOSICIÓN DE LÍPIDOS DE LA CARNE EN NOVILLOS BRANGUS

Baeza M.C. Facultad de Ciencias Agrarias, Unidad Integrada Balcarce, UNMDP.
e-mail: cecinini@hotmail.com

El objetivo de este trabajo fue contribuir a la caracterización genética de la composición de ácidos grasos (AG) de la carne en novillos Brangus. Se obtuvieron los perfiles de AG del músculo *Longissimus lumborum* (LL) de 246 novillos por GC-FID. Se determinaron los genotipos para 57 tag-SNPs en 15 genes candidatos en los 246 novillos Brangus y en 177 novillos de razas europeas. Se detectaron marcadas diferencias en las frecuencias alélicas entre biotipos. Se realizó un estudio de asociación en el que se detectaron efectos significativos de SNPs en los genes GHR y STAT6 sobre el espesor de grasa dorsal y el porcentaje de grasa intramuscular; de SNPs en el gen SCD1 sobre los índices C14:1/(C14:0+C14:1) y C18:1/(C18:0+C18:1) y de un SNP en SCD5 sobre el índice C16:1/(C16:1+C16:0). Se evaluó la expresión génica de SCD1 y SCD5 mediante RT-qPCR con el fin de explorar una potencial especificidad de sustratos. Animales con un cociente C16:1/(C16:1+C16:0) elevado presentaron mayor expresión de SCD5 que animales controles ($P < 0,08$), mientras que la expresión de SCD1 permaneció sin cambios. Los resultados obtenidos pueden tener implicancias en varios aspectos: a) en la optimización de la calidad de la carne de Brangus, ya que se han detectado alelos no deseables del Brahman segregando en la raza compuesta; b) en la producción de carne, dado que se sientan las bases para validar nuevos marcadores moleculares para selección asistida; y c) a nivel de la fisiología del bovino, ya que se han generado indicios acerca de nuevos mecanismos de regulación en la desaturación de los AG en bovinos.

2013

HISTORIA EVOLUTIVA DE *Nothofagus pumilio* Y *N. antarctica*, CONSERVACIÓN Y MANEJO DE SUS RECURSOS GENÉTICOS

Soliani C^{1,2}, P Marchelli^{1,2}, L Gallo¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Bariloche. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina.
e-mail: csoliani@bariloche.inta.gov.ar

Los bosques Patagónicos han pasado por múltiples disturbios a distintas escalas espacio-temporales que impactaron sobre la diversidad genética de sus especies. *Nothofagus pumilio* y *N. antarctica* son especies nativas de amplia distribución que hibridan naturalmente. Para conocer la ubicación de centros de diversidad, refugios cuaternarios, rutas migratorias y zonas de contacto, se aplicaron marcadores genéticos (ADNcp y SSRs desarrollados *de novo*) en 41 poblaciones. El flujo génico y la caracterización del sistema de apareamiento complementan la reconstrucción histórico-evolutiva. Los resultados confirman la existencia de una zona de transición hacia los 42°-46°S que marcó un quiebre filogeográfico durante las últimas glaciaciones, con dos linajes geográficamente segregados en el ADNcp. Además, ambos tipos de marcadores muestran un patrón de variación clinal (latitudinal) y evidencias de encuentro de rutas migratorias en latitudes intermedias (42°S). La elevada riqueza alélica en algunas poblaciones podría reflejar sitios de refugio prioritarios en conservación. Los marcadores SSRs sugieren hibridación bidireccional superando los antecedentes conocidos hasta el momento. Durante la colonización y expansión poblacional la frecuencia de estos eventos habría aumentado. Se evaluó también el impacto del manejo en la diversidad genética y entre los 42°-46°S se definieron áreas genéticamente homogéneas. Este primer paso en la definición de unidades de manejo sugieren acciones de restauración ecológica o asistencia a la regeneración natural respetando las áreas planteadas.

ANÁLISIS DE LA CONSTITUCIÓN GENÓMICA DE LAS ESPECIES DE LA SECCIÓN *Rhizomatosae* DEL GÉNERO *Arachis* MEDIANTE CITOGENÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR

Ortiz A¹, G Lavia^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste. ²Facultad de Ciencias Exactas Naturales y Agrimensura.
e-mail: ortizalejandr@gmail.com

La sección *Rhizomatosae* está definida exclusivamente por la presencia de cuatro especies que poseen rizomas como medio principal de reproducción, tres de ellas son tetraploides (*A. glabrata*, *A. pseudovillosa*, *A. nitida*) y una diploide (*A. burkartii*) con $x=10$. Esta sección posee un interés particular por: a) la presencia de la especie forrajera *A. glabrata*, para la cual su difusión masiva se halla limitada por la baja producción de semillas y b) el aislamiento genético detectado entre la única especie diploide y los tetraploides. Sin embargo, estudios de cruzamientos interespecíficos, marcadores moleculares y secuencias de ADN evidenciaron cierta similitud genética entre los tetraploides rizomatosos y diploides pertenecientes a otras secciones. Sobre la base de estos antecedentes, en esta tesis se realizó: 1) la caracterización meiótica, cariotípica y genómica, mediante técnicas de Feulgen, bandeado CMA/DAPI y mapeo de loci ribosomales por FISH de las cuatro especies de la sección *Rhizomatosae*; 2) el análisis cariotípico comparativo entre los tetraploides rizomatosos y entidades diploides afines de las secciones *Rhizomatosae*, *Erectoides* y *Procumbentes* y 3) el análisis de las afinidades genómicas entre el tetraploide *A. glabrata* y diversos diploides mediante GISH. A partir de los resultados obtenidos se analizó la correlación entre las irregularidades meióticas y la baja producción de semillas en los tetraploides rizomatosos, la naturaleza de la poliploidía de los tetraploides y las afinidades genómicas entre los tetraploides y diploides a fin de esclarecer las relaciones evolutivas dentro de la sección *Rhizomatosae* e inferir el origen genético de los tetraploides.

CONSTRUCCIÓN DE UN MAPA DE LIGAMIENTO EN *Cynara cardunculus* L. BASADO EN MARCADORES MOLECULARES Y LOCALIZACIÓN DE GENES DE INTERÉS AGRONÓMICO

Martin E¹, E Cointry², V Cravero¹. ¹CONICET. ²Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Fac. de Cs. Agrarias. Universidad Nacional de Rosario.

e-mail: eamartin@unr.edu.ar

La especie *Cynara cardunculus* L. (Asteracea), originaria de la región Mediterránea, incluye tres variedades botánicas: var. *scolymus* (alcachofa o alcaucil), var. *altilis* (cardo cultivado) y var. *sylvestris* (cardo silvestre). Con el fin de establecer un marco genético con variedades locales de la especie, se procedió al desarrollo de un mapa de ligamiento. La población de mapeo fue generada a partir del cruzamiento intraespecífico entre un genotipo local de cardo silvestre (progenitor femenino) y un genotipo de alcaucil “Estrella del Sur FCA” (progenitor masculino), siguiendo la estrategia pseudo-testcross. Dicha población fue genotipada mediante una combinación de 553 marcadores moleculares SRAP (*Sequence-Related Amplified Polymorphism*), AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), SSR (*Simple Sequence Repeats*) y SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*). El mapa de ligamiento del cardo silvestre (1.465,5 cM) consistió en 241 loci distribuidos en 16 LGs (*Linkage Groups*), mientras que el mapa del alcaucil (910,1 cM) fue construido con 141 loci, distribuidos en 12 LGs. Además, tres características de importancia agronómica (espinosidad en hoja, espinosidad en capítulo y coloración del capítulo), para los cuáles ambos progenitores presentaban características contrastantes, fueron mapeados. Posteriormente, un set de 48 loci co-dominantes fueron utilizados para alinear los distintos LGs con aquellos del mapa consenso de la especie basado en SSR y se posicionaron por primera vez 14 SSR en el mapa de *C. cardunculus*. El desarrollo de mapas de ligamiento representa una importante herramienta para la localización de características de interés agronómico así como para el desarrollo de adecuadas estrategias de mejoramiento asistida por marcadores moleculares.

POTENCIAL DE *Bidens laevis* L., MACRÓFITA COMÚN DE AMBIENTES LAGUNARES, COMO BIMONITOR DE EFECTOS GENOTÓXICOS DEL INSECTICIDA ENDOSULFÁN

Pérez DJ, ML Menone. Laboratorio de Ecotoxicología, Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMYC)-CONICET-UNMdP. e-mail: deborajperez@yahoo.com.ar

En bioensayos estandarizados de genotoxicidad se utilizan plantas terrestres, sin embargo, para evaluar la contaminación dulceacuícola cercana a regiones agrícolas, se recomienda el empleo de especies que habiten de forma permanente en zonas afectadas. El objetivo general fue determinar la factibilidad de utilizar la macrófita palustre *Bidens laevis* como biomonitor y, asimismo si los biomarcadores citogenéticos (micronúcleos, MN; aberraciones cromosómicas en anafase-telofase, ACAT) y molecular (fragmentación de ADN) se diferencian en su sensibilidad para la detección de contaminación por el insecticida endosulfán. Se demostró la genotoxicidad del endosulfán en distintos estadios de desarrollo de *B. laevis*, utilizando concentraciones ambientales del principio activo (PA) y un formulado comercial (FC). Se determinó que el estadio de plántula fue el más sensible para detectar genotoxicidad del PA a través del uso de ACAT. La fragmentación del ADN (ensayo “cometa”), no resultó ser un biomarcador apropiado para detectar genotoxicidad del PA, ya que se estableció que el mecanismo de acción es la aneunogénesis, observándose para el FC además, C-mitosis y núcleos condensados. La comparación de ACAT entre el PA y el FC, demostró que este biomarcador presentó una frecuencia menor en plántulas expuestas al FC. No se logró analizar la genotoxicidad en células germinales, sin embargo se determinó que las concentraciones de PA en botones florales fueron del orden de las ppb. Se realizó un biomonitoreo *in situ* de plántulas en distintas fechas de muestreo, encontrándose frecuencias de ACAT similares indicando la necesidad de realizar un estudio de campo más exhaustivo.