

1

CONFERENCIA DR. FRANCISCO SÁEZ

ARTE Y CIENCIA DE LA CRÍA DE ANIMALES

Oyarzabal M.I. Facultad de Ciencias Veterinarias, CIC,
Universidad Nacional de Rosario.
E-mail: moyarزاب@unr.edu.ar

El hombre comenzó a domesticar animales en diferentes lugares y épocas, simultáneamente con la transformación de su estilo de vida de cazador-recolector a sedentario hace 8.000–10.000 años. Los animales domesticados acompañaron las migraciones humanas, la expansión del comercio y las conquistas militares. Se adaptaron a nuevos ambientes, sufrieron presiones selectivas naturales y de preferencias culturales. Durante mucho tiempo, la cría animal fue una colección de prácticas empíricas transmitidas oralmente. Se conocen muy pocos escritos sobre el tema hasta el siglo XVIII. A partir de entonces, Bakewell y sus contemporáneos sistematizaron los libros genealógicos, introdujeron el concepto de pruebas de progenie, aplicaban endocría, apareaban el “mejor” con el “mejor”, priorizaban la adaptación de los animales al ambiente, evaluaban el fenotipo. Practicaban el arte de la cría, observaban, intuían, probaban y adquirían experiencia. Fue una etapa conocida como la del conocimiento “pre-científico”, en alguna medida utilizado como término peyorativo. Posteriormente se conocieron las leyes de Mendel, se planteó la discusión entre mendelianos y biometristas. Lush publicó su obra como primer genetista que recogió el saber del arte de la cría y lo unió al pensamiento “científico”. De ahí en más, el desarrollo de la informática y de la genética molecular permitieron la aplicación de técnicas para identificar y seleccionar genes y genotipos. ¿Esta revolución tecnológica nos permitirá alcanzar un impacto, al menos equivalente al de la “era pre-científica” en la cría animal?

2

POTENCIAL DE ADAPTACIÓN GENÉTICO DEL PINO OREGÓN A LA SEQUÍA

Rozenberg P. INRA, Val de Loire, Orleans, Francia.
E-mail: philippe.rozenberg@orleans.inra.fr

Los decaimientos forestales que acompañan las temperaturas altas y las sequías asociadas al cambio climático pueden interpretarse como un proceso evolutivo de selección natural. La posibilidad de aprovechar estos decaimientos para acompañar y acelerar el proceso natural de evolución dependerá de varios factores, entre los que se destacan la intensidad de selección, la variación fenotípica y genética y la heredabilidad de los caracteres adaptativos relacionados. En Francia se han observado decaimientos en los bosques de pino Oregón (*Pseudotsugamenziesii* var. *menziesii*). Hemos definido varios caracteres de resistencia a la sequía a partir del análisis de la microdensidad de la madera de los anillos de crecimiento. Disponemos de tarugos recolectados en tres ensayos de progenies de pino Oregón ubicados en Francia en sitios de condiciones ambientales/climáticas y edáficas contrastantes. Se incluyeron en el estudio 56 progenies pertenecientes a tres procedencias de la zona costera del Estado de Washington, Estados Unidos. Calculamos la variación fenotípica, la varianza genética aditiva, el coeficiente de variación genética aditiva y la heredabilidad *sensu stricto* (h^2) de los caracteres de resistencia a la sequía de 12 anillos de crecimiento sucesivos, para cada una de las tres procedencias dentro de cada ensayo. En total logramos obtener 108 estimaciones del coeficiente de variación genética aditiva y de la heredabilidad para 33 caracteres de resistencia a la sequía. Las magnitudes de las heredabilidades estimadas por carácter, sitio, procedencia o año fueron muy variables.

3

DEFECTOS MONOGÉNICOS EN LA INSENSIBILIDAD A LA GH

Domené HM¹. ¹Centro de Investigaciones Endocrinológicas (CEDIE-CONICET) Dr. César Bergadá, Hospital de Niños R. Gutiérrez, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: hdomene@cedie.org.ar

La insensibilidad a la GH (IGH) se caracteriza por niveles bajos de IGF-I con niveles elevados de GH y falta de respuesta de IGF-I al tratamiento con GH. Mediante la estrategia del gen candidato se han descrito alteraciones moleculares en diferentes genes que afectan la acción de la GH sobre su receptor (*GHR*), la transmisión de la señal y la inducción de la transcripción (*STAT5B*), la síntesis de IGF-I (*IGF1*) y su transporte (*IGFALS*). Los pacientes con alteración en *GHR* presentan talla baja severa, desproporción craneo-facial, obesidad troncular y voz aflautada. Los defectos en *IGF1* resultan en retraso de crecimiento pre y postnatal, microcefalia, hipoacusia y retardo mental. La inactivación del gen *STAT5B* provoca severo retraso de crecimiento postnatal asociada con inmunodeficiencia y alteración de la inmunidad celular. En la deficiencia de ALS el retraso de crecimiento es menos severo y se encuentran niveles circulantes disminuidos de IGF-I, con preservación de sus niveles tisulares. Mediante WES (Whole Exome Sequencing) se han caracterizado: mutaciones activantes en el gen *STAT3* en pacientes con IGH, inmunodeficiencia y autoinmunidad y mutaciones inactivantes en el gen *PAPPA2A* responsable de la proteólisis de IGFBPs que permiten el acceso de IGF-I a sus receptores de membrana. Estos estudios han permitido realizar el diagnóstico etiológico de la IGH, establecer el tratamiento adecuado y han contribuido a una mejor comprensión de los mecanismos biológicos que controlan el crecimiento pre y postnatal en el humano.

4

CINCO AVENIDAS DE ESTUDIO DEL DESARROLLO INFANTIL

Lejarraga H¹. ¹Universidad de Buenos Aires.
E-mail: cursotesiso7@gmail.com

El desarrollo infantil es el curso de los cambios en la conducta sensorio-motriz la respuesta emocional, la inteligencia el lenguaje y el aprendizaje. Este complejo proceso admite varias miradas y perspectivas de estudio. Para Arnold Gessel, el desarrollo en un proceso madurativo, la variable de cambio es la conducta observable, para John Watson, el desarrollo es el resultado del ambiente, y la conducta del niño se puede inducir y condicionar modificando los estímulos. La variable de cambio es la conducta aprendida. La teoría psicoanalítica de Freud asume la existencia de zonas erógenas que se van depositando en diferentes bordes del cuerpo, condicionando períodos oral, sádico-anal, y genital que se estructuran secuencialmente alrededor del complejo de Edipo, pero se telescopan y están presentes en la conducta del adulto. Para Freud la variable de cambio es la respuesta emocional. Un poco después, Jean Piaget, estudia el desarrollo como proceso cognitivo, en el cual el niño construye esquemas para comprender al mundo. Para esta perspectiva, la variable de cambio es el esquema. *Finalmente, los culturalistas (Vigotsky, etc) estudian los contextos socio-culturales donde el desarrollo tiene lugar.* Todas estas perspectivas tienen un sustrato estructural que es la microestructura cerebral, cuya plasticidad, permite el desarrollo el aprendizaje, y la reparación eventual de funciones perdidas.

5

EXPOSICIÓN RESIDENCIAL Y OCUPACIONAL A AGROQUÍMICOS, PRINCIPALES MECANISMOS DE DAÑO Y PATOLOGÍAS ASOCIADAS

Simoniello M.F. Cátedra de Toxicología, Farmacología y Bioquímica, Universidad Nacional del Litoral, Argentina.
E-mail: fersimoniello@yahoo.com.ar

La expansión de la superficie agrícola a nivel nacional y el modelo productivo actual han promovido un aumento de los volúmenes aplicados de distintos plaguicidas en los últimos años. En consecuencia, la evaluación de la exposición laboral a mezclas complejas de plaguicidas constituye una prioridad regional. Se ha sugerido que la proximidad de las viviendas a los campos agrícolas tratados con pesticidas también constituye un factor estrechamente relacionado con la exposición para las poblaciones vecinas. Considerando esto, se han evaluado trabajadores rurales y aplicadores de plaguicidas (n= 223), personas que viven en localidades con gran producción agrícola (n= 377) y pacientes con Lupus Eritematoso Sistémico (n= 91) con el fin de vincular la exposición con los posibles efectos generados en la salud. Los resultados mostraron inhibición de las enzimas colinesterasas, alteraciones en el estado oxidativo y daño en el ADN cuando fueron comparados respecto a donantes que residen en áreas urbanas sin antecedentes de exposición ocupacional a plaguicidas. Se realizó un meta-análisis de las encuestas y de los resultados de los biomarcadores que permitió caracterizar a los factores condicionantes de la exposición utilizando estadística multivariada. Como consecuencia, se resalta la importancia del desarrollo de estrategias para intervenir y atenuar la exposición de poblaciones humanas a plaguicidas y considerar los riesgos relacionados. La tecnología nos permitirá alcanzar un impacto, al menos equivalente al de la “era pre-científica” en la cría animal?

6

REALIDADES Y EXPECTATIVAS SOBRE LA SELECCIÓN GENÓMICA APLICADA AL MEJORAMIENTO VEGETAL

Zambelli A. Centro de Investigación en Biotecnología, Advanta Semillas.
E-mail: andres.zambelli@advantaseeds.com

Los primeros esfuerzos en el mejoramiento vegetal asistido por marcadores moleculares se dirigieron al mapeo de caracteres cuantitativos (QTLs) en poblaciones biparentales, al desarrollo de marcadores de ADN asociados a ellos y su aplicación en esquemas de selección recurrente de caracteres monogénicos. La disponibilidad de mapas moleculares de alta densidad y de plataformas de genotipificación de alto rendimiento dio lugar a lo que se conoce como selección genómica (SG), un abordaje aplicable al mejoramiento para atributos poligénicos. La SG consiste en estimar los valores genéticos de una población de cría como una función del genotipo. Esto requiere del desarrollo de un modelo de regresión a partir del análisis genotípico y fenotípico de un grupo de individuos (población de entrenamiento) para luego predecir los valores genéticos del resto de los individuos sobre la base de sus genotipos y sin la necesidad de datos fenotípicos. Al momento de pensar en una utilización práctica de la SG, se deben analizar las variables que impactan en la precisión predictiva, como por ejemplo, la estructura de la población de cría, el tamaño de la población de entrenamiento necesaria para ajustar el modelo de predicción inicial, la densidad de marcadores moleculares, la tecnología de genotipificación y el enfoque estadístico. En esta presentación se propone debatir la eficiencia de la SG aplicada a programas de mejoramiento agronómico y su utilidad como una herramienta que contribuya al incremento de la ganancia genética por unidad de tiempo con un balance costo-beneficio favorable.

7

DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE AVANZADA EN ENFERMEDADES NEUROGENÉTICAS

Rosa A.L. Sanatorio Allende, Fundación Allende y CONICET.
E-mail: alberto_l_rosa@yahoo.com.ar

El vertiginoso desarrollo de la genética y la genómica impacta a diario y de manera exponencial en nuestra vida. Su avance en ciencias médicas y ciencias clínicas, tan solo en las dos últimas décadas, ha transformado conceptos y paradigmas históricos del diagnóstico clínico conduciendo a una medicina personalizada. A pesar de nuestro asombro cotidiano, pareciéramos estar apenas en el umbral de esta nueva era. Las neurociencias y la neurología clínica han recibido un impacto mayor en esta explosión del conocimiento. Modernos centros de análisis utilizan poderosas metodologías de Hibridación Genómica Comparativa (*DNA microarrays*), Análisis de Genomas Completos (*WGS*) y/o de Exomas (*WES*), usando complejas plataformas informáticas y exhaustivas bases de datos. El diagnóstico de certeza en enfermedades hereditarias, o sus factores genéticos de predisposición, permite establecer pautas específicas de pronóstico y/o tratamientos personalizados y de asesoramiento genético. El entusiasmo frente a este progreso contrasta con las limitadas alternativas de herramientas de reparación o de compensación farmacológica del daño genético encontrado. El potencial terapéutico de múltiples fármacos es estudiado en protocolos clínicos internacionales. En este dinámico escenario aparecen complejos desafíos, éticos y legales, vinculados al acto de explorar la intimidad genómica de un individuo. Este aspecto no es menor al impacto emocional y sus consecuencias en la vida privada del paciente y su familia, frente a la recepción del resultado de un estudio de genoma.

8

ALGUNAS CONSIDERACIONES ÉTICAS DE LA REPRODUCCIÓN ASISTIDA

Coco R.L. Fecunditas-Medicina Reproductiva. Buenos Aires, Argentina.
E-mail: robertococo@fecunditas.com.ar

Louise Brown, el primer bebé de probeta, fue el comienzo de la tecnología reproductiva de alta complejidad. La fecundación y el desarrollo de los ovocitos fecundados hasta el estadio de blastocisto es una realidad desde entonces, y cada día va en aumento su uso. Al inicio hubo indicaciones médicas muy precisas, pero rápidamente se extendió a otras indicaciones médicas y no médicas, al punto que hoy es una alternativa eficaz para lograr el embarazo. Los avances logrados en la tecnología reproductiva, dio lugar a la ilusión de que todo es posible y es así que situaciones impensadas a lo largo de la historia de la humanidad hoy son contempladas por la tecnología reproductiva. Mujeres u hombres solos, homosexuales, pacientes sin gametas, sin útero y deferentes, personas trans, parejas que acceden a PGD por diferentes motivos (riesgo genético, tipificado HLA, Isoinmunización RHD, predisposición a cánceres, la erradicación de enfermedades mitocondriales y más recientemente la posibilidad de editar genes como reemplazo de los defectuosos). En estos 37 años de existencia de la tecnología reproductiva humana, han nacido más de 5 millones de niños por FIV en el mundo entero, se ha logrado un premio Nobel, ha posibilitado nuevas configuraciones familiares y ha desterrado certezas consideradas eternas como “madre hay una sola y es la que pare”. Como los avances de la ciencia no se pueden detener, tendríamos que empezar a admitir que los avances logrados tienen sentido en la medida que no dañen física ni emocionalmente a las personas que requieran de las innovaciones logradas.

9

TRANSCRIPTÓMICA EVOLUTIVA: EXPRESIÓN DIFERENCIAL Y DIVERGENCIA DENTRO Y ENTRE ESPECIES

Lessa E.P. Departamento de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.
E-mail: enrique.lessa@fcien.edu.uy

Las aplicaciones de la transcriptómica al estudio de la evolución se han visto ampliadas de manera sustantiva en años recientes. Se presenta un panorama de dichas aplicaciones y se las ilustra con ejemplos desarrollados en nuestro grupo de trabajo. En primer lugar, se muestra cómo los transcriptomas de glándulas salivares de murciélagos evidencian que la expresión ectópica de genes puede formar parte de las adaptaciones a un modo de vida energéticamente demandante. En segundo lugar, la secuenciación de transcriptos permite identificar genes que han divergido por selección natural direccional, contribuyendo tanto a la divergencia entre especies cercanas como a la acumulación de cambios a escalas filogenéticas mayores. En tercer lugar, la expresión diferencial de genes en el riñón, estudiada en las mismas especies en ambientes diversos (estepa patagónica y bosque andino), cumple un papel en la divergencia ecológica incipiente. Su estudio permite indagar los mecanismos del ajuste funcional a regímenes ambientales diversos y comenzar a estudiar regiones del genoma sometidas a presiones selectivas divergentes.

10

CONFERENCIA EWALD A. FAVRET

RESERVORIO GÉNICO Y ESPECIE TAXONÓMICA EN PLANTAS SUPERIORES. ¿DOS CONCEPTOS EN PUGNA?

Camadro E.L. EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP.
E-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

La especie es una de las unidades más importantes de la biología. Aunque es mucho lo publicado, no hay unanimidad de opinión sobre su significado biológico y la delimitación de taxones específicos. El término “especie” se ha usado para el concepto de especie y el taxón específico, creando confusión. Desde la Antigüedad, el reconocimiento de organismos se basó en diferencias. Según este concepto tipológico, aplicado en las plantas, una especie es un conjunto de individuos que comparten ciertas propiedades definitorias. El concepto de especie biológica, por su parte, considera el significado de la especie en la naturaleza: los individuos de la misma especie conforman una comunidad reproductiva, aislada reproductivamente de otros grupos semejantes, aunque co-existan en el mismo sitio. Los parientes silvestres de los cultivos son fuente invaluable de diversidad genética para el mejoramiento. Para conservación y uso de ese germoplasma se aplica el concepto de Reservoirio Génico (*Gene Pool*), modificado como Grupo Taxón bajo el supuesto de que la jerarquía taxonómica es una aproximación a la distancia genética real y la taxonomía clásica de utilidad para estimar relaciones genéticas. El concepto de: (a) especie tipológica es arbitrario, con claras falencias; (b) especie biológica no puede aplicarse a plantas con reproducción asexual, o sexual y asexual, con patrones complejos de hibridación; (c) Grupo Taxón, es de difícil aplicación por disidencias entre taxónomos. Se propone considerar a las poblaciones aisladas como reservorios génicos, independientemente de la morfología.