

1

DIFFERENTIAL EXPRESSION OF GENES RELATED TO BONE INTEGRITY IN TWO PATERNAL BROILER LINES

Paludo E. Universidad del Contestado, Brasil.
Email: ediane.paludo@gmail.com

Poultry breeding programs have prioritized the intense selection for fast growing broilers, producing chickens with improved carcass yield. In the meantime, a significantly increase of bone integrity problems has been observed, jeopardizing the welfare and negatively affecting growth performance and other traits, leading to huge economic losses. Attempting to understand the role of genes involved with bone metabolism, this study aimed to evaluate the expression of 10 candidate genes in two paternal broiler lines, both developed by Embrapa Suínos e Aves. The expression of *SPP1*, *TNFRSF11B*, *SPARC*, *CALM2*, *IBSP*, *COL1A2*, *BMP2*, *RANKL*, *SMAD1* and *RUNX2* genes were performed using real-time PCR in the TT line, which has been selected for over 20 years, and in the LLc control line, which has not been under genetic selection. For each one, 12 males and 12 females were evaluated at 21 and 42 days of age (d). The *BMP2*, *CALM2*, *RANKL*, *RUNX2*, *SPARC* and *SMAD1* were differentially expressed (DE) ($p < 0.05$) in at least one condition, varying within age, line and sex. Most of the DE genes were upregulated in the control when compared to the selected line. Male broilers with 42 d had lower levels of expression than those with 21 d. In conclusion, gene expression varied according to the line, age and sex. Also, the higher expression of some genes observed in the LLc than in the TT line can indicate that their expression were possibly affected during the years of selection, which might explain part of the genetic mechanisms involved with the increase of skeletal problems in broilers over time.

2

DIVERSIDAD GENÓMICA Y MAPEO POR ASOCIACIÓN PARA LA RESISTENCIA A LA PODREDUMBRE HÚMEDA DEL CAPÍTULO CAUSADA POR *Sclerotinia sclerotiorum* EN GIRASOL

Filippi C.V. Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA Castelar, Argentina.
Email: carlavfilippi@gmail.com

Argentina tiene una larga tradición en el mejoramiento de girasol, siendo su germoplasma un recurso genético invaluable a nivel mundial. El mapeo por asociación (MA) es un método de mapeo de QTL que tiene el potencial de identificar las bases genéticas de características cuantitativas complejas a nivel de genes individuales. Los objetivos de este trabajo comprendieron: a) estudiar la diversidad genómica en colecciones de girasol cultivado conservadas en el Banco Activo de Germoplasma de INTA Manfredi; y b) identificar *loci* involucrados en la defensa a la Podredumbre Húmeda del Capítulo (PHC) causada por *Sclerotinia sclerotiorum* utilizando la estrategia de MA. La población de MA (PMA), conformada por 137 líneas endocriadas, fue genotificada con un panel de 384 SNPs, 28 genes candidato y 42 marcadores microsatélite. Las estimaciones de variabilidad genética fueron moderadas, al tiempo que se obtuvieron evidencias de la existencia de tres grupos genéticos diferentes. La PMA fue evaluada a campo durante cinco campañas con inoculación asistida con esporas del hongo para incidencia, severidad y período de incubación de la enfermedad. Modelos lineales mixtos que contemplan la existencia de estructuración y relaciones de parentesco y modelos bayesianos de interrogación simultánea de *loci* permitieron la identificación de trece polimorfismos asociados con reducción de la enfermedad. Los resultados obtenidos demuestran el potencial del MA para caracteres complejos en girasol, contribuyendo a la generación de herramientas para el mejoramiento genético del cultivo.

3

ESTUDIOS CITOGENÉTICOS EN RAZAS DE MAÍZ DEL NOROESTE DE ARGENTINA: CARACTERIZACIÓN CARIOTÍPICA, EVALUACIÓN DEL TAMAÑO DEL GENOMA Y FRECUENCIA DE CROMOSOMAS B

Fourastié M.F. Laboratorio de Citogenética y Evolución, EGE (FCEyN-UBA); IECEBA (UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina.
Email: ffourastie@ege.fcen.uba.ar

Con el objetivo de aportar a la caracterización citogenética de los maíces nativos del Noroeste de Argentina (NOA), se estudió la diversidad citológica de diez accesiones pertenecientes a cuatro razas nativas, y la relación de los parámetros citogenéticos de cada accesión respecto a la altitud de cultivo. Para ello se emplearon tinciones cromosómicas convencionales, bandeado DAPI e Hibridación *In Situ* Fluorescente-FISH. Además, se estimó el tamaño del genoma (2C) de cada accesión mediante citometría de flujo. El análisis de los distintos parámetros cariotípicos (morfología cromosómica, asimetría del cariotipo; número, posición y composición de los *knobs*, porcentaje de heterocromatina, número medio y frecuencia de cromosomas B y tamaño del genoma) permitió confeccionar los cariotipos DAPI-FISH para cada individuo, y obtener un idiograma para cada accesión. El contenido de ADN mostró una elevada variación (37,7 %), encontrándose diferencias en el tamaño del genoma entre razas, pero no entre accesiones de una misma raza. Las correlaciones encontradas confirman que los cromosomas B y el porcentaje de heterocromatina son fuentes de la variación del tamaño del genoma. Las correlaciones encontradas entre la altitud de cultivo, los cromosomas B, el porcentaje de heterocromatina y el contenido de ADN sugieren que las características ambientales prevalentes de cada altitud de cultivo pueden modular el nucleotipo de cada población de maíz del NOA. El conjunto de los resultados obtenidos en esta Tesis Doctoral contribuye al conocimiento de la variabilidad citogenética de los maíces argentinos.

4

VARIABILIDAD GENÉTICA Y HETEROSIS EN *Paspalum simplex* MORONG

Brugnoli E.A. Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET, FCA-UNNE, Corrientes, Argentina.
Email: abrugnoli@agr.unne.edu.ar

Paspalum simplex es una especie nativa de Sudamérica que posee diferentes citotipos, diploides de reproducción sexual y poliploides de reproducción apomítica. *P. simplex* se presenta como modelo para el estudio de diversidad y heterosis en especies apomíticas. El objetivo fue: 1) evaluar la diversidad genética en poblaciones naturales de *P. simplex*; 2) generar híbridos tetraploides heteróticos, a partir de cruzamientos entre padres con distinto grado de parentesco; 3) evaluar la posibilidad de emplear una técnica sencilla y rápida de identificación de híbridos apomíticos en *P. simplex*. Se observó bajos niveles de diversidad intra-poblacional en poblaciones poliploides apomíticas. Sin embargo, dos poblaciones tetraploides apomíticas mostraron una alta diversidad, una de ellas simpátrica a una población diploide sexual. Además, se observó gran diversidad entre las poblaciones sin encontrarse relación entre distancia genética y distancia geográfica. Fue posible obtener híbridos heteróticos para *P. simplex* a partir de cruzamientos entre genotipos tetraploides sexuales y apomíticos. No se encontró relación entre distancia genética de los progenitores y proporción de híbridos heteróticos. La frecuencia de híbridos apomíticos varió en las distintas familias entre 0,1 y 0,6. Se observó una expresividad de la apomixis variable entre los híbridos (2,5 a 100 %). Por último, se ha desarrollado un nuevo protocolo de micro-extracción de ADN y utilización de marcador SCAR ligado a la apomixis para la detección temprana (estado de plántula) de híbridos apomíticos en *P. simplex*.

5

CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA DO GÊNERO *EIGENMANNIA* (TELEOSTEI: GYMNOTIFORMES) DAS BACIAS AMAZÔNICAS, DO PRATA E DO RIO SÃO FRANCISCO: INFERÊNCIAS SOBRE A DIVERSIFICAÇÃO CARIOTÍPICA E ORIGEM E EVOLUÇÃO DOS CROMOSSOMOS SEXUAIS

Araya-Jaime C. Laboratorio de Biología e Genética de Peixes, Universidade Estadual Paulista, Botucatu-SP, Brazil.
Email: carayaj_uls@yahoo.es

Foram analisadas seis espécies de *Eigenmannia*, *E. microstoma*, *E. limbata*, *E. virescens*, *E. aff. trilineata*, *Eigenmannia* sp1 e *Eigenmannia* sp2, com o uso de técnicas citogenéticas básicas e molecular (FISH). Foi estudado o comportamento meiótico do sistema X_1X_2Y de *Eigenmannia* sp2 por imunodeteção de proteínas do complexo sinaptonêmico e proteínas relacionadas com a atividade da cromatina. Os representantes analisados confirmaram a expressiva variação no número diplóide, desde os 28 cromossomos em *Eigenmannia* sp1 até os 38 cromossomos em *E. microstoma*, *E. limbata* e *E. virescens*. Em *E. aff. trilineata* foi descrita a ocorrência de um polimorfismo cromossômico do tipo ZZ/Z0. Sequências de DNAr 5S e U2 foram localizadas em diferentes cromossomos, com variação na quantidade de sítios entre as espécies. O DNAr 18S apresentou-se conservado em relação ao número de cromossomos portadores. As análises meióticas em *Eigenmannia* sp2, mostram a conformação de um trivalente X_1X_2Y completamente sináptado, sem a presença de regiões de cromatina inativa. Todas as amostras de *Eigenmannia* são facilmente identificáveis pela macroestrutura cromossômica. A aplicação de DNA Barcode conseguiu recuperar estes mesmos seis agrupamentos, mesmo quando foram incorporadas à análise sequências de COI para outros representantes do gênero. Assim, estes resultados permitiram identificar estas amostras como Unidades Taxonômicas Operacionais, sugerindo que podem tratar-se de espécies crípticas, ainda com baixo nível de diferenciação morfológica, mas alto valor de diferenciação genética.