

## GPE 1

**PERIODICIDADES DE LA DISTANCIA A LA NEUTRALIDAD Y FILOGENIAS**

Valenzuela C.Y. ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile.

Email: cvalenzu@med.uchile.cl

Estudiando la relación distribucional entre un nucleótido y otro, de un dinucleótido, sólo con la condición del número de sitios nucleotídicos que los separa hemos descubierto una periodicidad de la medida de la distancia a la neutralidad o azar (dada por la prueba ji-cuadrado). Esto ocurrió estudiando primero mtDNA, luego genomas completos de procariotes y finalmente con eucariotes. La periodicidad se dio en los 16 pares de dinucleótidos formados con las cuatro bases. La periodicidad tiene una cadencia de tres sitios, así por ejemplo, el par CC es más frecuente que 1/3 cuando sus bases están separadas por (3K+1) sitios, menos frecuentes que 1/3 cuando sus bases están separadas por (3K+2) sitios y todavía menos frecuentes cuando sus bases se separan por 3K sitios. Esta periodicidad ha resultado alternativa para estudiar filogenias que se obtienen directamente.

## GPE 2

**REGIONS OF POPULATION DIFFERENTIATION ON A SAMPLE OF MEXICAN INDIGENOUS POPULATION ASSOCIATED TO BMI AND METABOLIC TRAITS**

Romero-Hidalgo S.<sup>1</sup>, M.A. Contreras-Sieck<sup>1,2</sup>, M. Villalobos-Comparán<sup>1</sup>, M.I. Ortega-Sánchez<sup>1,2</sup>, M. Menjivar<sup>1,3</sup>, V. Acuña-Alonzo<sup>2</sup>, S. Canizales-Quinteros<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Medicina Genómica, México. <sup>2</sup>Escuela Nacional de Antropología e Historia, México. <sup>3</sup>Universidad Nacional Autónoma de México, México.

Email: sromero@inmegen.gob.mx

Statistical tests designed to identify signals of positive selection (PS) have been proven as effective strategies to detect candidate genes regarding human evolution and diseases etiology. Regarding Native American populations, genes studied under this framework are associated to metabolic traits and obesity (ABCA1, RORA and SIK3). Hypothesis suggest that the high prevalence of different forms of dyslipidemia and obesity-related traits in the contemporary Mexican population, as compared to Europeans, could be related to indigenous components as a result to adaptive processes related to energy saving. In the present study we used Fst and PBS statistics, to identify signals of population differentiation in a sample of 469 individuals from four indigenous populations in Mexico (167 Nahuas, 103 Mayas, 98 Totonacs and 101 Zapotec) and to evaluate their association to BMI and lipid traits (TG, c-HDL, c-LDL and TC). Variants among well-characterized genes such as EDAR and SLC45A2 are identified. Two variants with significant association to BMI were identified within ADAMTSL1 and FADS2 genes. We also found a strong signal in chromosomes 14 where a 2 Mb region is detected including a long intergenic non-protein coding RNA and MDGA2 gene not associated to BMI or lipid traits and further studies are design to confirm to understand its biological meaning.

## GPE 3

### DISTRIBUCIÓN EN SUBPOBLACIONES PERUANAS DEL POLIMORFISMO -13910 C/T DE LA REGIÓN LCT/MCM6 QUE REGULA LA PERSISTENCIA DE LA LACTASA

Acosta J.<sup>1</sup>, J. Figueroa<sup>2</sup>, D. Huerta<sup>3</sup>, J. Sandoval<sup>2</sup>, R. Fujita<sup>2</sup>, O. Acosta<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú. <sup>2</sup>Centro de Genética y Biología Molecular, Facultad de Medicina Humana, Universidad de San Martín de Porres, Lima, Perú. <sup>3</sup>Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.  
Email: oacostac@yahoo.com

La lactosa es el principal carbohidrato en la leche, su malabsorción se debe a la no persistencia de la lactasa, implicada en la intolerancia a la lactosa. La no persistencia es variable en las poblaciones del mundo, y esta condición se relaciona con el alelo C del SNP -13910 ubicado en el gen *MCM6* y que influye sobre el promotor del gen de la lactasa (*LCT*). El objetivo fue analizar las variantes del polimorfismo -13910 C/T en la región *LCT/MCM6* en subpoblaciones peruanas consideradas mestizas y nativas. Se estudiaron 173 muestras de ADN de personas de Lima-ciudad (56,1%), Lima-Huarochoirí (13,3%), Puno (17,3%) y Calca-Cusco (13,3%) mediante PCR-RFLP, los genotipos se confirmaron por secuenciación. Las frecuencias genotípicas en la muestra global fueron: CC= 0,977 y CT= 0,023, no encontrándose el genotipo TT. En las subpoblaciones los resultados fueron: Lima-ciudad CC= 0,969 y CT= 0,031, en Lima-Huarochoirí y en Calca-Cusco el genotipo CC= 1,000, en Puno CC= 0,983 y CT= 0,017. Las frecuencias genotípicas se encontraron en equilibrio de Hardy-Weinberg. En la muestra total, las frecuencias de los alelos fueron: C= 0,988 y T= 0,012. En general, en esta primera investigación para el Perú, no se encuentran diferencias ( $p > 0,05$ ) para el polimorfismo -13910 C/T *LCT/MCM6* entre las subpoblaciones evaluadas, pero se destaca la alta la frecuencia del alelo C (no persistencia de la lactasa), incluso mayor a otras poblaciones latinoamericanas ( $p < 0,05$ ). Se proyecta incluir más subpoblaciones, otros SNPs, realizar estudios fenotípicos y epigenéticos, y evaluar sus implicancias en Nutriepigenómica.

## GPE 4

### MITOCHONDRIAL DNA DIVERSITY IN MATO GROSSO DO SUL (BRAZIL)

Nogueira T.L.S.<sup>1,2</sup>, M. Pom<sup>1</sup>, L. Alem<sup>1,3</sup>, O.C.L. Santos<sup>1</sup>, E.S.B. Valentin<sup>1</sup>, D.A. Silva<sup>2</sup>, E.F. Carvalho<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biologia do Exército, Rio de Janeiro, Brazil. <sup>2</sup>Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil. <sup>3</sup>Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil.  
Email: tnogueira.ibex@hotmail.com

Complete sequences of mitochondrial DNA control region were obtained from 32 unrelated individuals, born in the State of Mato Grosso do Sul, Midwest region of Brazil, as a contribution to expand databases with maternal lineages of Brazilian populations. All samples were collected on Whatman FTA blood stain cards and were processed by direct amplification and the extension products were carried out in ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) with the BigDye Terminator v3.1 kit. The haplogroups were classified in the on line software Haplogrep (PhyloTree build 17) after assembly and comparison to the revised Cambridge Reference Sequence (rCRS) using the SeqScape® Software v2.5. Maternal and paternal lineages are expected in variable proportions of African, European and Amerindian ancestry in the different Brazilian regions, due to the period of colonization. According to the last census of “Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística” (IBGE), by ethnicity self declared, the Mato Grosso do Sul population is composed by brown (43.1%), White (47.7%), black (7.6%), yellow (1.1%) and indigenous (0.4%). Our data showed a high contribution of Native American ancestry (46.9%), followed by African (34.4%) and European (18.8%) proportions. The most common was the haplogroup C. The occurrence of length heteroplasmy was observed in 15.6% of analyzed samples. These data are in accordance with other data comparing the Brazilian geographical regions and reinforce the importance of further studies with applications in both the medical and forensic genetics.

## GPE 5

**ESTUDIO DE LA VARIACIÓN GENÉTICA DE LA REGIÓN HIPERVARIABLE I DEL ADNmt EN PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2**

Ramírez González Y.I.<sup>1</sup>, M.L. Muñoz Moreno<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM, Ciudad de México.

<sup>2</sup>Laboratorio 1 Depto. Genética y Biología Molecular, CINVESTAV, Col. San Pedro Zacatenco, México.

Email: yuritzramirezgonzalez@gmail.com

La Diabetes Mellitus es una enfermedad con una alta morbilidad y mortalidad en el presente. Los últimos datos de la Encuesta Nacional de Salud y Nutrición, reportan que se ha convertido en un grave problema de salud en México. Dentro de los factores asociados en la patogénesis de esta enfermedad, el factor genético juega un papel muy importante, ya que existe evidencia de que puede estar asociada con polimorfismos y/o haplogrupos del genoma mitocondrial. Por ello, entender el origen genético de esta enfermedad representa una excelente estrategia para el manejo y su prevención a futuro. Así, en el presente trabajo se estudió una población de 54 individuos mestizos mexicanos diagnosticados con diabetes mellitus tipo 2 y un grupo de 97 individuos sanos, encontrando que la mayoría de las muestras en ambos grupos tipifican dentro de los cuatro haplogrupos amerindios reportados, siendo el haplogrupo A el mayormente representado tanto en diabéticos como en individuos sanos con una frecuencia de 52% y 47% respectivamente. Por otra parte, mediante el análisis de redes haplotípicas, destaca la red obtenida para el haplogrupo B, ya que en esta red todas las secuencias de diabéticos se separaron de las secuencias de individuos sanos, también se observó que dos secuencias de individuos con diabetes mellitus tipo 2 forman haplotipos con individuos de origen indígena, a su vez, el polimorfismo T16189C se halló en una de las muestras con diabetes mellitus.

## GPE 6

**DATOS DE GENÉTICA POBLACIONAL DE 12 MARCADORES STR DEL CROMOSOMA X EN POBLACIÓN DE CHILE Y UTILIZACIÓN EN CASOS DE PARENTESCO CON PROGENIE FEMENINA**

Molina Fuentes G.<sup>1,2</sup>, J. Manríquez Naveas<sup>1</sup>, M.O. Yañez

González<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidad de Genética Forense, Servicio Médico Legal de Valparaíso, Chile. <sup>2</sup>Departamento de Nutrición, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile.

Email: gmolina@sml.cl

Se estudiaron 51 individuos (25 hombres y 26 mujeres) provenientes de la región de Valparaíso, Chile, obtenidos por muestreo representativo, previo consentimiento informado. Estos individuos correspondían a 17 verdaderos tríos padre-madre-hija, confirmados por análisis de marcadores autosómicos. Se genotificaron usando el sistema *Investigator Argus X-12*, que incluye a los loci DXS7132, DXS7423, DXS8378, DXS10074, DXS10079, DXS10101, DXS10103, DXS10134, DXS10135, DXS10146, DXS10148 y HPR1TB. Se ha determinado previamente que estos loci constituyen cuatro grupos de ligamiento dentro del cromosoma X. Las frecuencias alélicas, haplotípicas, equilibrio de Hardy Weinberg en las mujeres, desequilibrio de ligamiento para ambos sexos, diversidad por locus y haplotipo se calcularon usando el programa Arlequin ver 3.0. El poder de discriminación en hombres y mujeres, y de exclusión en pares y tríos fueron calculadas usando las fórmulas de Desmarais y colaboradores. La diversidad por locus y haplotípica son mayores al 60%. El poder de discriminación es mayor a  $1 \times 10^5$ , y de exclusión es mayor a 99,9% en todos los casos. Se confirma la presencia de los cuatro grupos de ligamiento, por lo cual la información de cada bloque se analiza como un haplotipo. Se muestra la utilidad de la información genética de estos haplotipos del cromosoma X en diversos casos de determinaciones de paternidad padre/hija con o sin consanguinidad, y en determinación de parentescos que involucran a parientes y progenie de sexo femenino.

## GPE 7

### USO DE MARCADORES UNIPARENTALES EN EL ESTUDIO DE LOS PROCESOS DE DIFERENCIACIÓN POBLACIONAL, MIGRACIÓN Y MESTIZAJE: UNA MIRADA A LA HISTORIA DE CHILE

Pezo P.A.<sup>1</sup>, S.A. Flores<sup>1</sup>, M.E. Orellana<sup>1</sup>, X. Leiva<sup>2</sup>, M. de Saint Pierre<sup>3</sup>, L.M. Herrera<sup>1</sup>, M.L. Moraga<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile. <sup>2</sup>Servicio Médico Legal, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile, Chile. Email: patricio.udec@gmail.com

El estudio de las poblaciones chilenas a través de marcadores de herencia uniparental nos ha permitido conocer diferentes dinámicas poblacionales las que tienen un correlato genético e histórico. Este estudio pretende dilucidar patrones de diferenciación genética entre poblaciones de Chile mediante marcadores uniparentales, junto con analizar los procesos de migración y mestizaje en diferentes momentos históricos y evidenciar sus efectos sobre la composición genética del país. Se determinaron los haplogrupos para mtDNA y cromosoma Y en 697 individuos de cuatro ciudades de Chile y se compararon con datos previos de siete poblaciones originarias y diez poblaciones rurales. Nuestros resultados muestran que el componente materno de las poblaciones urbanas de Chile estudiadas se asocia a las poblaciones nativas del centro sur del país, con excepción de San Felipe y Los Andes que aparecen asociadas a poblaciones de centro norte. El componente paterno por su parte no muestra diferencias entre las poblaciones, aún cuando comprenden una gran extensión longitudinal. Todo esto sugiere que las poblaciones mestizas iniciales se fundaron a lo largo del país a partir de europeos y mujeres indígenas del centro norte de Chile independiente de la posición geográfica de éstas, y que el posterior aumento de linajes maternos indígenas sureños es debido a la migración campo-ciudad a inicios del siglo XX. Este trabajo reafirma el poder de los marcadores de herencia uniparental en el estudio del proceso de mestizaje inicial y de los eventos de migración reciente en América.

## GPE 8

### IGHG (IMMUNOGLOBULIN HEAVY CHAIN GAMMA) GENE SEGMENT DIVERSITY IN JAPANESE-DESCENDANT AND AMERINDIAN POPULATIONS FROM BRAZIL

Calonga-Solis V.<sup>1</sup>, D. Malheiros<sup>1</sup>, L.B. Vargas<sup>1</sup>, M.L. Petzl-Erler<sup>1</sup>, D.G. Augusto<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Genética Molecular Humana, Departamento de Genética, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Brazil. Email: danillo@augusto.bio.br

The immunoglobulin heavy chain gamma (IGHG) gene segments encode the constant regions of immunoglobulin IgG. The diversity of this region has been characterized mainly by serological methods, what defined the immunoglobulin allotypes at the protein level. These gene segments have never been systematically sequenced in populations, and their genetic polymorphism is not well covered in genome-wide studies and genomic databases. The aim of this study was to characterize the genetic diversity of *IGHG1*, *IGHG2* and *IGHG3* in one Japanese-descendant (n= 43) and five Amerindian populations from Brazil: Guarani Mbyá (n= 47), Guarani Kaiowá (n= 48), Guarani Nandeva (n= 47), Kaingang from Rio das Cobras (n= 48) and Kaingang from Ivaí (n= 49). A total of 14 new alleles have been found. The most frequent alleles in Amerindians were: *IGHG1\*02* (42 to 78 %), *IGHG2\*03* (73 to 98%) and *IGHG3\*14* (83 to 99%). The most frequent allotypes were: G1m17 (94 to 100%), G2m(.) (95 to 100%) and G3m21 (94 to 100%). Although allelic frequencies differed significantly among Amerindians (p<0.01), no significant differences were seen for allotype frequencies (p>0.05). This suggests that biological constraints could be restricting variability at the protein level. A significant negative Tajima's D value (-2.102, p= 0.003) indicates that demographic events and/or natural selection could be shaping allelic diversity in these populations. The description of *IGHG* polymorphism in so unique populations provides valuable information for further population genetics and disease susceptibility studies.

## GPE 9

**ESTUDIO GENÉTICO POBLACIONAL DE FRECUENCIAS ALÉLICAS PARA 19 MARCADORES STR PRESENTES EN LA POBLACIÓN DE URUGUAY**

Torres A.<sup>1</sup>, B. Fonseca<sup>2</sup>, A. Carozzi<sup>2</sup>, C. Azambuja<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio Genia Geo, Ruta 8 km 17500, Zonamerica, Biotec, oficina 12.

<sup>2</sup>Laboratorio Genia, Montevideo, Uruguay.

Email: torres@geniageo.com

Se reportan por primera vez frecuencias alélicas para la población de Uruguay usando 19 marcadores moleculares de tipo STR: CSF1PO, D1S1656, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, FGA, Penta D, Penta E, THO1, TPOX y vWA. El objetivo de este estudio es la construcción de una base de datos local de frecuencias alélicas para ser utilizada en casos de filiación y forense. Durante los últimos años fueron recolectadas un total de 1925 muestras de individuos de nacionalidad uruguaya, con la restricción de no incluir muestras que estuvieran emparentadas entre sí. Las frecuencias alélicas fueron calculadas a partir de los genotipos utilizando el método de conteo directo. Los principales resultados del estudio incluyen, además de la determinación de las frecuencias alélicas y genotípicas para cada uno de los marcadores, el análisis de la existencia del equilibrio de Hardy-Weinberg en la población uruguaya y la determinación de la tasa de heterocigosidad observada y esperada. Se diseñaron pruebas de hipótesis Chi-cuadrado para la conclusión de los resultados.

## GPE 10

**FINE-SCALE GENETIC STRUCTURE OF CHILEAN POPULATIONS**

Blanco J.<sup>1</sup>, J. Homburger<sup>2</sup>, C. Gignoux<sup>2</sup>, L. Herrera<sup>3</sup>, M. Acuña<sup>3</sup>, S. Berríos<sup>3</sup>, M. Moraga<sup>3</sup>, E. Llop<sup>3</sup>, F. Caba<sup>4</sup>, E. Barozet<sup>5</sup>, K. Sandoval<sup>1</sup>, C.D. Bustamante<sup>2</sup>, C. Eng<sup>6</sup>, S. Huntsman<sup>6</sup>, E.G. Burchard<sup>6</sup>, L. Cifuentes<sup>3</sup>, A. Moreno-Estrada<sup>1</sup>, R.A. Verdugo<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Human Population Genomics Lab, LANGEBIO, Cinvestav, México.

<sup>2</sup>Department of Genetics Stanford University, California, USA.

<sup>3</sup>Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina,

Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>4</sup>Facultad de Salud y Ciencias de la Actividad Física, Universidad SEK, Santiago, Chile.

<sup>5</sup>Departamento de Sociología, Facultad de Ciencias Sociales,

Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>6</sup>Department of Medicine, University of California, San Francisco, California, USA.

Email: raverdugo@u.uchile.cl

Chile covers the largest area of the Andean South American region and is home to a multi-ethnic population formed by the mixing of peoples from many different cultural and ethnic backgrounds. Previous genetic studies in the region have largely explored either classical or uniparental markers, but fine-scale patterns of human genome-wide variation remain largely uncharacterized. We use genome-wide SNP data from over 450 Chilean admixed individuals to explore the population structure and demographic history of Chile. We combined these data with population reference panels from Africa, Asia, Europe and the Americas to perform global ancestry analysis and infer the subcontinental origin of European and Native American components of the admixed individuals. Similar to other Latin American populations, our application of ancestry-specific PCA analysis shows that most of the European ancestry in Chileans comes from the Iberian Peninsula. We also find a strong North-South gradient in the Native American component of Chileans that correlates with geography. An analysis of ancestry tract length reveals that the onset of intercontinental admixture in Chile is one of the youngest migration events in Latin America during European colonization (9-14 generations ago), with evidence of an additional pulse of European migrants occurring as recent as three to nine generations ago. The project is ongoing and finer models for reconstructing global demographic history are being developed to increase the level of resolution of nation-wide diversity surveys.

## GPE 11

**POSITIVE SELECTION TO HIGH LEVELS OF ARSENIC IN HUMANS LIVING IN THE ATACAMA DESERT**

Apata M.<sup>1</sup>, A. Moreno-Estrada<sup>2</sup>, K. Sandoval<sup>2</sup>, R. Verdugo<sup>1</sup>, M. Moraga<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO-CINVESTAV), Irapuato, Guanajuato, México. <sup>3</sup>Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile, Santiago, Chile.  
Email: m.andres.ap7@gmail.com

High levels of arsenic in natural water sources can be poisonous and Quebrada Camarones in Arica, Chile, has the highest arsenic levels in the Americas (>1000 µg/L). However, the Camarones people have subsisted in this adverse natural environment during the last 7000 years, with no records of arsenic-related epidemiological emergencies as other localities. We measured the frequencies of four protective genetic variants in the AS3MT gene by PCR between the current populations of Camarones (n= 50) and two other populations historically exposed to lower levels of arsenic, Azapa valley (n= 47) near Camarones and San Juan de la Costa (SJC, n= 49) in southern Chile. The haplotype composed of four protective variants, CTTA, is the most frequent in Camarones (68%) and Azapa (48%), with significantly higher frequency in Camarones, and it lower in SJC (8 %; p=0.0001 <0.05). Our results for AS3MT suggest higher frequency of protective variants in both northern Chilean populations exposed to naturally arsenic contaminated water. We performed a microarray experiment (813.366 SNPs) in a subsample of Camarones (n= 13), SJC (n= 20) and Puno (Peru, n= 30) which are not exposed to arsenic, with the objective to test for the presence of signature of recent selection that may be particular to the population historically exposed to arsenic. Such result would support the hypothesis that high arsenic metabolism capacity has been selected as an adaptive mechanism in an arsenic laden environment.

## GPE 12

**KIR3DL2 ALLELIC DIVERSITY IN A EURO-DESCENDANT BRAZILIAN POPULATION**

Montoro Dourado R.<sup>1</sup>, A.G. Danillo<sup>1</sup>, M.L. Petz-Erler<sup>1</sup>, K.B. Prado<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Genética Molecular Humana, Departamento de Genética, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Brazil.  
Email: kbrown@ufpr.br

The KIR (*killer cell immunoglobulin-like receptors*) gene family plays a central role in innate and adaptive immunity. Besides the uncommon presence/absence polymorphism that occurs in *KIR*, these genes also exhibits an extensive and poorly known allelic variation. *KIR3DL2* is one of the most polymorphic *KIR*, with more than 80 alleles described so far. The aim of this study was to characterize the genetic diversity of *KIR3DL2* in one Euro-descendant population (n= 139) from Southern Brazil (Curitiba, Parana State) by sequencing-based method (SBT). Out of a total of 22, seven alleles were never described; combined, the total frequency of new alleles was 2.5%. The most frequent alleles were *KIR3DL2\*001* (19.1%), *KIR3DL2\*002* (19.8 %) and *KIR3DL2\*007* (21.2%), similar to what has been observed in other Euro-descendant populations. Genotypic distribution was according what is expected in Hardy-Weinberg equilibrium (p= 0.36). The most frequent genotype was *KIR3DL2\*007/007* (8.6%) followed by *KIR3DL2\*001/002* (7.9%) and *KIR3DL2\*001/003* (7.2 %). Our results suggest that there is still much to be learned about *KIR3DL2* diversity. Description of *KIR* polymorphism provides valuable information for further population genetics, disease susceptibility and functional studies. The next steps of this work will be characterizing *KIR3DL2* diversity in other populations and performing evolutionary analyzes.

## GPE 13

### GEOGRAPHICAL PARTHENOGENESIS, CYTOTYPE DISTRIBUTION PATTERNS AND ECOLOGICAL VARIATION IN THE SUBTROPICAL GRASS *Paspalum intermedium* MUNRO EX MORONG

Karunaratne P.<sup>1</sup>, M. Schedler<sup>2</sup>, E.J. Martínez<sup>2</sup>, A.I. Honfi<sup>3</sup>, D. Hojsgaard<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Department of Systematics, Biodiversity and Evolution of Plants, Albrecht-von-Haller Institute for Plant Sciences, University of Goettingen, Germany. <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. <sup>3</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Argentina.  
Email: piyal.karunaratne@biologie.uni-goettingen.de

Although, it has been neglected by biologists for long, polyploidization is now known to have a major role in evolution of vascular plants. Spatial distribution patterns of cytotypes shed light on dynamics of polyploid complexes (establishment, maintenance and evolution). Unlike in temperate regions, there are only a handful of studies on these phenomena done in tropical and subtropical areas in southern hemisphere where speciation may be totally unrelated to historic glaciation. *Paspalum* L. is a New World grass genus with many polyploid species. In the present study, we focus on cytotype distribution patterns and ecological differentiation in subtropical grass species *P. intermedium*. Over 1000 plant samples were cytotyped from populations occurring in the Northeast of Argentina, the core distribution area of the species and past and present environmental data were used to assess ecological differentiation. Two major cytotypes were identified: diploid and tetraploid. The tetraploid cytotype shows a slightly larger range of distribution compared to that of the diploid, with both cytotypes overlapping along a wide contact zone. Ecological assessment on macro-scale does show significant relation to photosynthetically active radiation suggestive of tetraploid adaptation to less productive environments and micro-scale or rather local establishment. We assumed that the two cytotypes evolved as a result of niche shift facilitated by reproductive isolation irrelevant of past glaciation. A population genetic assessment will reveal more details about the evolution of these populations.

## GPE 14

### CONTROL GÉNICO DE LA AUTO-INCOMPATIBILIDAD EN GIRASOL SILVESTRE

Gutierrez A.<sup>1</sup>, D. Scaccia<sup>1</sup>, M. Poverene<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Agronomía, UN del Sur y CERZOS-CCT Bahía Blanca, Argentina.  
Email: aguti@criba.edu.ar

En la autoincompatibilidad los granos de polen que llegan al estigma de la misma planta son incapaces de efectuar la fecundación ya que detienen su desarrollo en alguna de las etapas del proceso. Esta detención involucra el reconocimiento por parte del pistilo del genotipo de los tubos polínicos del mismo individuo y de otras plantas. Este proceso está regido mediante control genético y la región de ADN que controla los sistemas de autoincompatibilidad constituye el “locus S”. Las especies silvestres de *Helianthus* poseen un sistema genético de auto-incompatibilidad esporofítica. *H. annuus* (HA) y *H. petiolaris* (HP) han demostrado tener una gran variación en la expresión de este sistema. El objetivo fue determinar el número y distribución de los alelos S en poblaciones de ambas especies y sus respectivas interacciones alélicas en el polen y pistilo. Se realizaron cruzamientos controlados y recíprocos entre plantas de cinco poblaciones de HA y cinco de HP. Los resultados indican la presencia de un mínimo de cinco alelos S de auto-incompatibilidad para cada especie. La distribución de estos alelos fue diferente en cada una de las diez poblaciones analizadas. Una de las accesiones de HP resultó 100% auto-compatible sospechando la presencia de alelos nulos. Los alelos S se comportaron de manera independiente en el polen y pistilo. En el polen de HP el 78% de las interacciones alélicas fueron de dominancia/recesividad y el 87,5% en HA, y de codominancia el 22% en HP y 12,5% en HA. En el pistilo el 100% de las interacciones fueron de codominancia para ambas especies.

## GPE 15

### ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y SU DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA EN LA ESPECIE MULTIPLOIDE *Paspalum unispicatum*

Gruber L.M.<sup>1</sup>, F. Espinoza<sup>1</sup>, M.E. Sartor<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina.  
Email: maritasartor@hotmail.com

*Paspalum unispicatum* Scribn. y Merr. es una especie nativa de Sudamérica que presenta citotipos diploides sexuales (2x), triploides apomícticos (3x) y tetraploides apomícticos facultativos (4x). El objetivo de este trabajo fue caracterizar la diversidad genética dentro y entre seis poblaciones naturales de *P. unispicatum* colectadas en Chaco: P1 (2x), P2 (3x/2x) y P3 (2x), Formosa: P4 (3x) y P5 (3x/4x) y Salta: P6 (4x), Argentina. Se examinaron entre diez y 17 individuos/población a través de marcadores moleculares (AFLP). El análisis de datos se realizó con los programas GenAlEx, Genotype/Genodive y PAST. Independientemente del nivel de ploidía predominante y su modo de reproducción, todas las poblaciones presentaron altos índices de diversidad genotípica (entre 0,80 y 0,98). Sin embargo, el grado de uniformidad entre genotipos fue variable, observando la mayor uniformidad en la población P3 ( $E = 0,93$ ) y la menor uniformidad en la población P4 ( $E = 0,47$ ). El análisis de las distancias genéticas entre poblaciones permitió agrupar por un lado a las poblaciones del Chaco (P1, P2 y P3) y por otro a las poblaciones de Formosa (P4 y P5), quedando aislada de ambos grupos la población de Salta (P6). Existió además una correlación positiva y altamente significativa entre las distancias genéticas y geográficas ( $R^2 = 0,8198$ ). Independientemente del nivel de ploidía y modo de reproducción, las poblaciones de *P. unispicatum* conservan un alto grado de diversidad genética, la que se distribuye según la localización geográfica de las poblaciones y la distancia entre ellas.

## GPE 16

### GENETIC DIFFERENTIATION IN BRAZILIAN POPULATIONS OF THE RARE AND ENDANGERED *Chascolytrum parodianum* (POACEAE)

da Silva L.N.<sup>1</sup>, L. Essi<sup>2</sup>, C.A.D. Welker<sup>3</sup>, T.T. Souza-Chies<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Departamento de Botânica, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil. <sup>2</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brazil.  
<sup>3</sup>Instituto de Biologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Brazil.  
Email: nogueira.silva@ufrgs.br

*Chascolytrum parodianum* (Roseng., B.R. Arrill. and Izag.) Matthei is endemic from granitic outcrops in Pampa, distributed in Uruguay and Rio Grande do Sul (RS, Brazil), where is considered critically endangered. Only four populations are known to RS, which were included in this study comprising 23 samples. We used Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), Internal Transcribed Spacer (ITS) and cpDNA (intergenic region *rpoB-trnC*) to estimate genetic diversity ( $H$ ), population structure ( $FST$ ), gene flow ( $Nm$ ) and phylogeographic relationships between populations. Four primers combination produced 419 AFLP fragments (77.8 % polymorphic) and the final DNA alignments consisted of 1099 bp for *rpoB-trnC* and 504 bp for ITS. At species level, high genetic diversity ( $H = 0.8419$  in cpDNA; 0.8579 in ITS; 0.1962 in AFLP) and high population structure ( $FST = 0.50348$  in cpDNA; 0.40504 in ITS; 0.26292 in AFLP) were obtained, regardless the geographic proximity (1.73 from 39.37 km apart). Ten (10) cpDNA haplotypes were recovered and only one was shared between populations PAR2 and PAR3. Besides, the presence of highly divergent haplotypes within populations is noteworthy. The migration rates ( $Nm$ ) estimated were high for cpDNA and ITS (2.96 and 3.38 individuals per generation, respectively) indicating mixed gene flow either by pollen or seed dispersal and suggesting a complex population dynamics involving founder events and mixture of historically separated populations. Lastly, populations PAR1, PAR3 and PAR4 are priority for *in situ* conservation of *C. parodianum* in RS.



## GPE 17

**EVALUACIÓN GENÉTICA DEL DISEÑO DE LAS ÁREAS DE CONSERVACIÓN EN LOS PALMARES DE YATAY DE “SANTO DOMINGO”, URUGUAY**

Cancela S.<sup>1</sup>, P. Rodríguez Mosquera<sup>1</sup>, P. Gaiero<sup>1</sup>, H. Giordano<sup>3</sup>, G. Jolochin<sup>1,2</sup>, P. Speranza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Domesticación y Evolución de las Plantas, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. <sup>2</sup>Departamento de Producción Forestal y Tecnología de la Madera, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. <sup>3</sup>Medio Ambiente Forestal, Empresa Forestal Montes del Plata. Email: gjolochin@gmail.com

La palma *Butia yatay* tiene su área natural de distribución en el litoral Oeste de Uruguay y los palmares de “Santo Domingo” (áreas de conservación de la empresa forestal Montes del Plata) formando parte de los palmares de Quebracho. La fragmentación de las poblaciones, debido al establecimiento de un área de conservación discontinua, podría causar una reducción en el flujo génico y depresión endogámica. En dos sectores de palmares dentro de este predio, separados por una distancia de 3 km y rodeados por otros sectores con palmeras y forestación, se mantienen desde 1996 en exclusión de pastoreo con el fin de permitir la regeneración. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del diseño del área de conservación sobre la genética poblacional de la población regenerada. Para ello se muestrearon individuos adultos y renuevos en dos sectores y se caracterizaron mediante marcadores microsatélites transferidos de *Butia eriosphata*. Se evaluaron 14 loci, siete fueron amplificados con éxito y cuatro fueron polimórficos. Se genotiparon para estos loci polimórficos 30 individuos adultos y 30 renuevos de cada sector. No se observaron evidencias de endocria en los individuos juveniles ni restricciones al flujo génico entre poblaciones. Por otro lado, se observó un déficit de heterocigosis en individuos adultos de la misma área. Estos resultados sugieren que un análisis más amplio podría proporcionar información de interés sobre la historia demográfica de los palmares de yatay en Uruguay en los últimos siglos.

## GPE 18

**DIVERSIDAD GENÉTICA Y ENDOCRÍA EN ADULTOS Y RENOVALES DE POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY DEL SUR DE LA PROVINCIA PARANAENSE**

Goncalves A.L.<sup>1,2,3</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2,3</sup>, M.V. García<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical, UNaM-CONICET. <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. Email: alej.gonc@gmail.com

En los bosques de la Provincia Paranaense más del 89 % presenta niveles medios a elevados de degradación y fragmentación. En especies forestales la longevidad de los individuos, la elevada diversidad dentro de las poblaciones y las elevadas tasas potenciales de flujo génico les confieren la capacidad de afrontar las consecuencias negativas de la fragmentación. Se analizaron 48 individuos de curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) (25 adultos y 23 renovales) provenientes de un fragmento poblacional del distrito de los campos de la Provincia Paranaense. Se emplearon cinco loci microsatélites específicos para caracterizar la diversidad genética, determinar la estructura genética poblacional y estimar los niveles de endocria mediante análisis Bayesiano. La diversidad genética fue elevada tanto en adultos como en renovales, presentando los adultos mayor número promedio de alelos por locus, número efectivo de alelos por locus y número de alelos únicos resultando en un mayor índice de diversidad génica de Nei. El índice de fijación indicó baja estructuración genética entre adultos y renovales ( $F_{ST} = 0,026$ ). Por su parte, el coeficiente de endocria fue moderado ( $F_{IS} = 0,34$ ) siendo mayor en adultos ( $F_{ISa} = 0,38$ ) que en renovales ( $F_{ISr} = 0,25$ ). En renovales, los valores de endocria contrastan con la diversidad genética detectada pudiendo indicar posibles progenitores no muestreados o ausentes como consecuencia de deforestación reciente.

## GPE 19

## EFECTO DE LA INTROGRESIÓN DEL GIRASOL CULTIVADO EN UNA POBLACIÓN DE *Helianthus annuus* SILVESTRE

Presotto A.<sup>1,2</sup>, F. Hernández<sup>1</sup>, I. Fernández-Moroni<sup>1</sup>, J. Basualdo<sup>2</sup>, M. Díaz<sup>1,2</sup>, S. Cuppari<sup>2</sup>, M. Cantamutto<sup>3</sup>, M. Poverene<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Agronomía, UN del Sur. <sup>2</sup>CCT-Bahía Blanca.

<sup>3</sup>EEA INTA H. Ascasubi. Argentina.

Email: apresotto@uns.edu.ar

La introgresión de genes del cultivo en poblaciones silvestres puede acelerar la adaptación de estas a nuevos ambientes, como los agro-ecosistemas. En Argentina, las poblaciones naturalizadas de girasol se comportan como ruderales y esporádicamente, como malezas de los cultivos. El objetivo del trabajo fue evaluar el efecto de la introgresión de girasol doméstico en una población de girasol silvestre, maleza en la región pampeana argentina. Para ello, se evaluó la respuesta a estrés abiótico (sequía), biótico (defoliación) y tasa de crecimiento en un biotipo maleza, en poblaciones ruderales y en líneas endocriadas de girasol. Además, se analizó la variabilidad en la secuencia de cuatro genes involucrados en la respuesta a estrés (*DREB2*, *NAC*, *DHN* y *LTP*). El estrés hídrico en iniciación floral-R1 y diferentes niveles de defoliación en R3 produjeron una mayor merma en caracteres reproductivos (número de capítulos y número y biomasa granos) en el biotipo maleza que en las poblaciones ruderales. Sin embargo, la tasa de crecimiento fue mayor en el biotipo maleza. Entre las secuencias evaluadas, los genes de los factores de transcripción *DREB2* y *NAC* mostraron menor variabilidad (<10 sitios polimórficos) que aquellos de proteínas involucradas directamente en la respuesta a estrés como *DHN* y *LTP*. La mayor distancia genética se encontró entre la población ruderal y las líneas cultivadas. El crecimiento, la tolerancia a estrés y la secuencia de genes relacionados al estrés del biotipo maleza cambiaron en el sentido del cultivo, sugiriendo introgresión adaptativa durante su evolución.

## GPE 20

## ANÁLISIS PROBABILÍSTICO DE LA EVOLUCIÓN DE LA DISTRIBUCIÓN DE *Anadenanthera colubrina* VAR. CEBIL EN ARGENTINA MEDIANTE MODELOS COALESCENTE

Barrandeguy M.E.<sup>1,2,3</sup>, D.E. Prado<sup>3,4</sup>, D.A. Martí<sup>2,3</sup>, M.V. García<sup>1,2,3</sup>.

<sup>1</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Departamento de Genética, FCEQyN, UNaM. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical (UNaM-CONICET). <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. <sup>4</sup>Cátedra de Botánica. FCA, UNR, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe. Argentina.

Email: ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

El conocimiento de la distribución histórica y los patrones filogeográficos post-glaciales permite comprender la distribución actual de las especies y su estructura poblacional, los procesos históricos que las moldearon y el destino potencial de sus poblaciones. El objetivo del presente trabajo es analizar la evolución de la distribución de las poblaciones de *Anadenanthera colubrina* var. cebil en Argentina para comprender los procesos históricos que la han moldeado. Se analizaron 148 individuos adultos de *A. colubrina* var. cebil provenientes de diferentes sitios de muestreo cubriendo toda la distribución en Argentina mediante siete microsátelites nucleares específicos y tres microsátelites cloroplásticos. Para determinar el modelo coalescente más probable de la evolución de la distribución de estas poblaciones se empleó el método ABC (*Approximate Bayesian Computation*). Se construyeron cuatro escenarios considerando dos grupos de individuos basados en la distribución disyunta de la especie en Argentina y otros cuatro escenarios considerando tres grupos de individuos definidos a partir de análisis Bayesiano de la estructuración genética poblacional. Los escenarios de distribución más probables indicarían que las poblaciones de los núcleos Misiones y Pedemontano Subandino, se originaron a partir de la fragmentación de una población ancestral de mayor tamaño, mientras que las poblaciones del Sur del núcleo Pedemontano Subandino descenderían, a partir de un evento coalescente posterior, de poblaciones ancestrales ubicadas en el Norte de dicho núcleo.

## GPE 21

### VARIABILIDAD INTRA E INTER POBLACIONAL EN TRES ESPECIES DE *Oxalis* SEC. PALMATIFOLIAE (OXALIDACEAE) USANDO MARCADORES ISSR

Lopez A.<sup>1</sup>, M. Bonasora<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IBODA (ANCEFN-CONICET). Cátedra de Botánica Sistemática, FAUBA, Argentina.  
Email: alopez@darwin.edu.ar

La sección Palmatifoliae del género *Oxalis* comprende cinco especies endémicas de la Patagonia, habitando desde la costa marítima hasta el límite nival en la cordillera de las provincias de Mendoza, Neuquén, Río Negro, Chubut y Santa Cruz. Para establecer la variabilidad intra e inter poblacional de las especies *O. adenophylla*, *O. laciniata* y *O. morronei*, se utilizaron marcadores ISSR (*inter simple sequence repeat*). Se analizaron 121 individuos pertenecientes a 14 poblaciones. Se extrajo ADN y se amplificaron fragmentos correspondientes a nueve marcadores ISSRs obteniéndose 73 loci analizables. Se realizó un análisis de coordenadas principales (PcoA) utilizando la distancia genética de Nei como se implementa en FADM (*Fingerprint Analysis with Missing Data* 1.30). Los resultados muestran que los individuos se diferencian en grupos correspondientes a las tres especies. Los análisis preliminares indicarían que existe una variación interpoblacional relacionada con la distribución geográfica, observándose en particular que las poblaciones de *O. laciniata* que se encuentran más cercanas a la cordillera serían más similares entre sí con respecto a las poblaciones del litoral. En las poblaciones de *O. adenophylla* también las agrupaciones fueron congruentes con la cercanía geográfica, a excepción de las poblaciones de los extremos norte y sur que aparecen indistinguibles. *O. morronei* por su parte, aparece en una posición intermedia entre las otras dos especies analizadas.

## GPE 22

### MINING OF MICROSATELLITES REGIONS IN *Anacardium humile* (ANACARDIACEAE) USING ILLUMINA DATA

Jessica C.K.<sup>1</sup>, A.M. Adriana<sup>1</sup>, A.S. Thaynara<sup>1</sup>, S.F. Mateus<sup>1</sup>, C.T. Lorraine<sup>1</sup>, S.N. Thannya<sup>1</sup>, P.C.T. Mariana<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genetics and Biodiversity Laboratory, Institute of Biological Sciences, Federal University of Goiás, Goiânia, Goiás, Brazil.  
Email: lorraine\_tavares@hotmail.com

*Anacardium humile* A. ST. HILL. (Anacardiaceae), it is a native shrub species of neotropical Cerrado. It is important for the local population in the Midwest region Brazil, both by having medicinal properties, as for food. One of the possible approaches to the study of natural populations requires the development of microsatellite markers to enable assessment. Next Generation DNA Sequencing technologies (NGS) have allowed the large-scale identification and development of microsatellite markers using a faster and cheaper process than previously available Sanger based protocols. We aimed to search and characterize microsatellites regions in *A. humile* genome using Illumina sequencing data, and also design primer pairs for these repetitive regions. The library was sequenced on MiSeq platform (Illumina). For all motif sizes, imperfect and perfect microsatellites were considered. Primers were designed for the microsatellites regions found using Primer3 software. A total of 235 microsatellites regions imperfect were found and tetra-nucleotide motifs were the most common, followed by penta-nucleotide and di-nucleotide. For perfect regions, a total of 68 microsatellites were found, and tetra-nucleotide motifs were the most common, followed by di-nucleotide and penta-nucleotide. For both more frequent repetitions of motifs were AATA (16% and 5.1% for imperfect to perfect) and AGAA (11% and 3.4%). These data can be used in studies of population genetics and evolution, which contribute, both to conservation as the domestication and genetic breeding of the species *A. humile*.

## GPE 23

### ARAZÁ, ESPECIE FRUTAL DE INTERÉS: SISTEMA REPRODUCTIVO, DISTRIBUCIÓN NATURAL Y CITOTIPOS EN URUGUAY

Mazzella C.<sup>1</sup>, G. Speroni<sup>1</sup>, C. Pritsch<sup>1</sup>, M. Souza-Pérez<sup>1</sup>, M. Bonifacino<sup>1</sup>, S. Vázquez<sup>2</sup>, M. Vaio<sup>1</sup>, C. Trujillo<sup>1</sup>, D. Cabrera<sup>2</sup>, B. Vignale<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biología Vegetal, Facultad Agronomía, Universidad de la República. <sup>2</sup>Programa de Investigación en Producción Frutícola, INIA Las Brujas, Canelones. <sup>3</sup>Departamento de Producción Vegetal, Facultad Agronomía, Salto, Universidad de la República. Uruguay.  
Email: mc.mazzella@gmail.com

El arazá (*Psidium cattleianum*, familia Myrtaceae) ocupa un lugar importante en el programa de selección y domesticación de frutas nativas en Uruguay, el cual está basado en germoplasma silvestre y cultivado, tendiente a seleccionar materiales para el cultivo comercial. Es una especie poliploide con número básico  $x=11$  y su área de distribución se extiende desde Brasil a Uruguay. De Espíritu Santo a Río Grande do Sul hay citotipos naturales entre  $4x$  y  $8x$  y plantas de frutos rojos y amarillos. En Uruguay no se ha caracterizado aún la composición de las poblaciones silvestres, ni aclarado el sistema reproductivo en los materiales locales. Con el objetivo de determinar el sistema reproductivo se analizaron con marcadores moleculares progenies de cruzamientos dirigidos, y se realizaron estudios ontogénicos de sacos embrionarios y de granos de polen. Se georeferenciaron 12 poblaciones silvestres en el Este de Uruguay, se caracterizaron los ambientes y se analizaron los citotipos. Todas las poblaciones silvestres son de frutos amarillos. En total se detectaron por citometría de flujo cinco niveles de ploidía con citotipos  $5x$ ,  $6x$ ,  $7x$ ,  $8x$  y una plántula  $9x$ . No se observó meiosis de la célula madre de la megáspora para formar el saco embrionario, por lo que se propone reproducción diplospórica, primer registro de este tipo de apomixis en la familia. Se evidenció la condición pseudógama. La vía apomíctica coincide con la uniformidad en los perfiles electroforéticos obtenidos en progenies analizadas con RAPDs e ISSR.

## GPE 24

### VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES DE ESPECIES POLIPLOIDES SEXUALES DE *Paspalum*

Schedler M.<sup>1</sup>, E.A. Brugnoli<sup>1</sup>, A.L. Zilli<sup>1</sup>, C.A. Acuña<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>2</sup>, E.J. Martínez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Instituto de Botánica del Nordeste. CONICET, Corrientes. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical nodo Posadas, CONICET-UNaM, Misiones. Argentina.  
Email: schedlermara@gmail.com

El conocimiento de la diversidad genética es de importancia para la conservación y uso sustentable de los recursos naturales. *Paspalum* es un género con gran diversidad taxonómica, ecológica y en sistemas genéticos. El objetivo del trabajo fue estimar la variabilidad genética en poblaciones naturales de cuatro especies tetraploides sexuales de *Paspalum*. Dos especies autógamas, *Paspalum regnellii* Mez. y *P. urvillei* Steud., y dos alógamas, *P. durifolium* Mez y *P. ionanthum* Chase. Se evaluaron cinco poblaciones por especie y entre 15 y 20 individuos por cada una. Se emplearon marcadores de ISSR y la variabilidad intra e interpoblacional fue estimada a partir del porcentaje de loci polimórficos y la heterocigosis insesgada de Nei, respectivamente. Se empleó el Test de Mantel para medir correlación entre distancias genética y geográfica. Se evaluaron entre 52 y 80 marcadores por especie. El % de loci polimórficos varió entre 13 y 27% en *P. regnellii*, 19 y 40% en *P. urvillei*, 73 y 75% en *P. durifolium* y 73 a 83% en *P. ionanthum*. La heterocigosis insesgada de Nei varió entre 0,05-0,10 en *P. regnellii*, 0,08-0,14 en *P. urvillei*, 0,25-0,29 en *P. durifolium* y 0,24-0,27 en *P. ionanthum*. No hubo correlación entre distancias genética y geográfica para las 4 especies. La variabilidad intrapoblacional fue menor en las dos especies autógamas con respecto a las dos alógamas; sin embargo, la variabilidad interpoblacional fue mayor en las autógamas en relación a las alógamas. La variabilidad genética de las cuatro especies tetraploides sexuales de *Paspalum* está en relación directa con sus sistemas de apareamiento.

## GPE 25

## EVALUACIÓN DE MECANISMOS DE LA RESISTENCIA A GLIFOSATO DE *Sorghum halepense* (L.) PERS

Ulrich N.<sup>1</sup>, L. Peluffo<sup>1</sup>, L. Fernández<sup>2</sup>, L. de Haro<sup>1,3</sup>, M.C. Martínez<sup>1,6</sup>, J.C. Papa<sup>3</sup>, I. Olea<sup>4</sup>, E. Hopp<sup>1,6</sup>, D. Tosto<sup>1,3,6</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, INTA. <sup>2</sup>EAA Junín INTA. <sup>3</sup>CONICET. <sup>4</sup>EAA Oliveros INTA. <sup>5</sup>EAAOC. <sup>6</sup>FCEN, UBA. Argentina.  
Email: tosto.daniela@inta.gov.ar

El sorgo de Alepo es una de las malezas de mayor impacto en los agroecosistemas, con el uso del glifosato como herbicida, en conjunto con la siembra directa y cultivos RR se controló su aparición. Sin embargo, el uso continuo del herbicida aumentó la presión de selección sobre las malezas, seleccionándose mutantes resistentes; a partir del año 2005 se comenzaron a reportar la aparición de individuos resistentes de sorgo de Alepo en el norte de nuestro país. Los posibles mecanismos involucrados en conferir resistencia son clasificados como sitio dirigido o no sitio dirigido. Los primeros pueden estar dados por mutaciones en el sitio activo de la enzima blanco o por incremento en la expresión del gen de esta enzima; los segundos pueden incluir una reducida translocación, secuestro vacuolar o una rápida detoxificación del herbicida. El objetivo del presente trabajo es evaluar el nivel de expresión de diferentes transportadores de membrana vacuolar mediante PCR cuantitativa. Se realizó una búsqueda bioinformática para los genes de los transportadores ABC basados en las secuencias publicadas para 17 de ellos (*Conyza canadiensis*). A partir del genoma de *Sorghum bicolor* se obtuvieron las secuencias de 13 genes que mantenían homología (M1, M2, M4, M5, M6, M8, M9, M10, M11, P1, P2, P3 y P6). De estos, 10 amplificaron productos únicos de PCR. Hasta el momento se ensayaron 7 genes: 4 de la familia MPR y 3 de la familia PDR. De los cuales los genes P2 y P3 fueron los que mostraron diferencias de expresión más importantes.

## GPE 26

## NIVELES DE PLOIDÍA Y MODO DE REPRODUCCIÓN EN POBLACIONES NATURALES DE *Paspalum indecorum* MEZ

Reutemann A.V.<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>2</sup>, D.H. Hojsgaard<sup>3</sup>, E.J. Martínez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina. <sup>2</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNAM) nodo Posadas, Argentina. <sup>3</sup>Albrecht-von-Haller Institute of Plant Sciences, Department of Systematics, Biodiversity and Evolution of Plants, Georg-August-University of Göttingen, Germany.  
Email: vreutemann@gmail.com

*Paspalum indecorum* pertenece al grupo Caespitosa y es endémica del norte de Argentina, sur de Brasil, centro de Paraguay y Uruguay. Todas las colecciones individuales resultaron ser diploides. Análisis previos del sistema reproductivo realizado en unas pocas plantas determinó que se reproduce en forma sexual y es alógama debido a un sistema de auto-incompatibilidad. El objetivo de este trabajo fue analizar el nivel de ploidía y modo de reproducción en poblaciones naturales de *P. indecorum* provenientes del norte de Argentina. Se realizaron recuentos cromosómicos por la técnica convencional de Feulgen. El modo de reproducción fue determinado en cinco plantas por población, a partir de la técnica de clarificado de ovarios con metilsalicilato y posterior observación de los sacos embrionarios bajo microscopio con dispositivo Nomarski. Se analizaron entre 32 y 34 ovarios/planta. Se colectaron tres poblaciones en la provincia de Misiones, con 22, 23 y 31 individuos respectivamente. Todos los individuos resultaron ser diploides, a excepción de una planta que fue triploide ( $2n=3x=30$ ). En las tres poblaciones se detectaron individuos con sacos embrionarios mixtos (meiótico+apospóricos). El porcentaje de óvulos con sacos mixtos varió entre un 10–30% en las plantas estudiadas, incluso en una de ellas se registraron ovarios con únicamente sacos apospóricos (3%). Es el primer registro de nivel de ploidía triploide y de expresión de apomixis a nivel diploide para esta especie. Es muy probable que también existan tetraploides como ocurre en varias especies de *Paspalum* con idéntico sistema genético.

## GPE 27

**GENETIC VARIABILITY IN “YERBA MATE” POPULATIONS FROM ARGENTINA AND PARAGUAY**

Talavera Stéfani L.N.<sup>1</sup>, C.B. Percuoco<sup>1</sup>, J.V. Fay<sup>1</sup>, C.A. Rojas<sup>2</sup>, M.M. Miretti<sup>1</sup>, J.G. Seijo<sup>3</sup>, C.F. Argüelles<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio GIGA, FCEQyN, IBS-Nodo Posadas, UNaM-CONICET. <sup>2</sup>UNILA, Foz de Iguazú, PR, Brasil. <sup>3</sup>IBONE, FACENA-UNNE, CONICET, Argentina.  
Email: li\_talavera@hotmail.com

*Ilex paraguariensis* A. St. Hil. (Aquifoliaceae family), is a tree of great economic importance in the Southern Cone for its use in the preparation of a popular drink called “mate”. The species geographical distribution includes southern Brazil, northeast Argentina, Paraguay and Uruguay, where there are only remnants of natural populations. In order to evaluate the genetic variability of the species and assess the significance of the old cultures as a reservoir of variability, 38 samples from three cultivated populations (>80 years) from Paraguay and Argentina and a natural population from *Reserva Biosfera Yabotí* in Misiones-Argentina were analyzed using Ipg\_03 SSR locus. The allelic variants solved in 6% PAGE were in the range of 338-376 bp with a total of 11 alleles identified and a polymorphic Information Content (PIC) of 0.867. Each analyzed population showed at least one exclusive allele. The expected heterozygosity ( $H_e$ ) ranged from 0,520 for the natural Argentinean population, to 0,754 for one Paraguayan cultivated population. The observed heterozygosity ( $H_o$ ) ranged from 0,125 to 1. These results suggested the existence of a great genetic variability within the old cultivated populations analyzed. Nevertheless, all sampled populations are currently being assayed at nine additional microsatellite loci.

## GPE 28

**CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS CRIOLLOS DE ARGENTINA Y BOLIVIA MEDIANTE MICROARRAYS DE SNPS DE ALTA DENSIDAD**

Liron J.P.<sup>1</sup>, M.F. Ortega Masague<sup>2</sup>, J. Orellana<sup>3</sup>, F. Valdez<sup>4</sup>, S. Peña<sup>5</sup>, A. Rogberg Muñoz<sup>1</sup>, L. Gutierrez<sup>2</sup>, M. Baudoin<sup>5</sup>, D.M. Posik<sup>1</sup>, M. Issac<sup>3</sup>, E.E. Villegas Castagnasso<sup>1</sup>, F.D. Holgado<sup>2</sup>, P. Peral Garcia<sup>1</sup>, C. Bomblat<sup>5</sup>, E. Salas<sup>4</sup>, J.A. Pereira Rico<sup>3</sup>, G. Giovambattista<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria “Ing. Fernando N. Dulout” (IGEVEV), CCT La Plata-CONICET, La Plata, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido, (IIACS), INTA Leales, Tucumán, Argentina. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Autónoma Gabriel René Moreno, Bolivia. <sup>4</sup>Centro de Investigación Agrícola Tropical (CIAT), Bolivia. <sup>5</sup>Centro de Ecología Aplicada (CEASIP), Fundación Simón I. Patiño, Bolivia.  
Email: guillermogiovambattista@gmail.com

Los bovinos criollos latinoamericanos, descendientes directos de los animales introducidos por los europeos durante la conquista de América, constituyen uno de los pocos casos de bovinos taurinos adaptados por más de 500 años de selección a ambientes tropicales y subtropicales. A pesar que su población ha sufrido una drástica reducción, aún constituyen un valioso recurso zoogenético de la región. Es por esta razón, que el objetivo del presente estudio consistió en la caracterización genética de cinco poblaciones de bovinos criollos de Argentina y Bolivia, para lo cual se analizaron 73 muestras mediante un microarray de SNPs de 640 K. Los resultados obtenidos mostraron en todas las poblaciones un *call rate* y un valor de heterocigosidad promedio de 98,73 y 0,35, respectivamente. Con el fin de analizar la relación entre las poblaciones analizadas y evaluar la proporción de mezcla se filtró un sub-panel de 4537 SNPs distribuidos en los 29 cromosomas autosómicos. El análisis de componentes principales calculado con este set de marcadores evidenció que las muestras criollas se diferenciaban claramente del resto de las razas taurinas y cebuinas incluidas en el estudio. Por otra parte, el análisis de *cluster* evidenció bajos niveles de introgresión de genes índicos y la presencia de dos componentes criollos, uno predominante de la raza argentina y otro de las poblaciones bolivianas. En conclusión, los resultados sostienen la hipótesis que los bovinos criollos americanos tienen características únicas y apoyan la necesidad de conservar este valioso recurso zoogenético.

GPE 29

## DETECCIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DEL CABALLO DOMÉSTICO (*Equus caballus*) MEDIANTE GENES ASOCIADOS AL COLOR DEL PELAJE

Pardo E.<sup>1</sup>, T.I. Cavadía<sup>1</sup>, L.S. Correa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad de Córdoba, Colombia.

Email: epardop@correo.unicordoba.edu.co

El caballo doméstico es un mamífero del orden Perissodactyla y familia Equidae. La diversidad de las especies domésticas es un importante componente de la biodiversidad. Los marcadores fenotípicos constituyen una valiosa herramienta para analizar la estructura genética de las poblaciones, por su gran contenido informativo, fácil identificación y rápida obtención de resultados mediante el empleo de genes relacionados con el color la capa. En este trabajo, hemos utilizado marcadores de pelaje para evaluar la diversidad genética en poblaciones de caballo doméstico (*Equus caballus*), en Ciénaga de Oro. Se realizaron muestreos aleatorios en 341 animales adultos de siete corregimientos, donde se caracterizó fenotípicamente cada animal, atendiendo a los marcadores autosómicos de codificación morfológica *Extensión* (*E*); *Agouti* (*A*); *Cream* (*C*); *Gris* (*G*); *White* (*W*); *Tobiano* (*TO*); *Overo* (*O*); *Roan* (*RN*). El marcador *Extensión* fue el de mayor frecuencia mientras los genes *Overo* y *Tobiano* presentaron los menores valores. Se registraron cifras poco significativas de variabilidad genética a nivel global y poblacional, además, se obtuvo escasa diferenciación genética entre poblaciones y un elevado flujo génico; se observó exceso de heterocigotos a nivel poblacional y existencia de equilibrio Hardy-Weinberg y se obtuvieron valores bajos de distancia genética. Los resultados permiten concluir que las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente, evento que puede obedecer a la cercanía geográfica, favoreciendo el intercambio genético y la constitución de una metapoblación.

GPE 30

## MITOCHONDRIAL PHYLOGENOMICS IN ANIMAL MODELS

Prosdocimi F.<sup>1</sup>, M. Uliano-Silva<sup>1</sup>, I.R. da Costa<sup>1</sup>, N.C.B. Lima<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Brazil.

Email: prosdocimi@bioqmed.ufrj.br

The mitochondrion genome of animals consists in a circular molecule of about 16 Kb in size. Our work is focused in the complete sequencing, annotation and phylogenomic analysis of whole mitochondria in different animal models. A bioinformatics package containing four software is under production to perform analyze semi-automatic analyses. After choosing species of interest, we extract and sequence their DNAs using NGS technology. Raw sequences are used as input to (i) *Mitomaker* to assemble the whole mitochondrion genome and provide automatic annotation. Careful manual curation must be performed to confirm gene boundaries and specific details. Then we download all complete mitogenomes available for the clade of interest, normally the entire family or order on which our species belong using our python script; (ii) *mt\_downloader.py*. Then we run the (iii) *Mitocomparison* software that splits all genes in the downloaded data, perform multiple alignments and map differences returning the average number of indels and mismatches, classifying these differences into synonymous/non-synonymous, transitions/transversions and other. The next step is done by (iv) *Phylomito* software that concatenates the multiple alignments of all 13 mitochondrial genes into a single data to produce a supermatrix dataset containing normally >10,000 nucleotidic positions. This dataset is then sent to a phylogenetics software on which we produce a phylogenomic dataset information. Our pipeline has been used for mitochondrial phylogenomics reconstruction in birds, mussels, nematodes and fishes.

## GPE 31

### FILOGEOGRAFÍA, ESTRUCTURA POBLACIONAL Y VARIACIÓN MORFOLÓGICA EN LA TUCURA CON POLIMORFISMO ALAR *Dichroplus vittatus*

Rosetti N.<sup>1</sup>, M.I. Remis<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética de la Estructura Poblacional, Depto. Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, Universidad Buenos Aires, IEGEBA (CONICET), Argentina. Email: mariar@ege.fcen.uba.ar

Algunas especies de insectos presentan polimorfismos para el tamaño del ala, ofreciendo la oportunidad de estudiar los factores que conducen a diferenciación en la dispersión. En este trabajo se analizan los patrones de variación en la morfología alar (macrópteros o braquípteros) y en un fragmento de 543 pb de la secuencia del gen COI en siete poblaciones de *Dichroplus vittatus* del Centro-Oeste de nuestro país a lo largo de una clina latitudinal de 700 Km. La mayoría de las poblaciones exhiben ambos morfos alares, mientras sólo dos poblaciones están constituidas por individuos braquípteros. El análisis de varianza multivariado mostró diferencias significativas entre poblaciones, entre sexos evidenciando un sesgo hacia las hembras y entre morfos, siendo los macrópteros los de mayor tamaño. Los análisis moleculares detectaron diez haplotipos derivados de cinco sitios polimórficos. Los índices de diversidad fueron bajos, particularmente en las poblaciones pertenecientes a La Pampa, constituidas mayoritariamente por individuos macrópteros. El análisis de varianza molecular utilizando valores de  $F_{ST}$  indicó diferenciación significativa entre provincias, entre poblaciones y dentro de poblaciones. La red de haplotipos evidenció un componente moderado de variación geográfica mientras que los índices demográficos revelaron que una población de San Luis se ajusta a un modelo de expansión. Consistente con la hipótesis que sostiene un *trade-off* entre reproducción y capacidad dispersiva, nuestros resultados sugieren que La Pampa sería un ambiente inestable o poco favorable para la especie.

## GPE 32

### DNA BARCODE AND SMALL STREAM FISHES: DIVERSITY ACCESS AND ICHTHYOFAUNA VALIDATION IN SMALL STREAMS OF ADOLPHO DUCKE RESERVE, MANAUS/AM-BRAZIL

Meliciano N.V.<sup>1</sup>, O.P. Colatreli<sup>2</sup>, F.K.B. Guimarães<sup>1</sup>, S.M. Zaguri<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal do Amazonas, UFAM, Instituto de Saúde e Biotecnologia (ISB), Coari, Amazonas, Brasil. <sup>2</sup>Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), Manaus, Amazonas, Brasil. Email: natverdasca@yahoo.com.br

DNA barcoding is useful for several purposes in many taxonomic groups, promoting new species discovery and solution of identification ambiguities in-between taxonomic groups. It's also an important technique in biodiversity studies such as the determination of poorly known faunas, like the Amazonian ichthyofauna, which is supposed to be 60% unknown and located far from large rivers, such as small streams, reflecting the lack of studies in this type of ecosystem, which shelters an ichthyofauna of little commercial interest. In this way, this study aims to sample the ichthyofauna of small streams of Adolpho Ducke Reserve (Manaus/BR) and make a molecular characterization by DNA barcode methodology to access the composition and diversity of fish species in this genetically poorly studied region. As a result, 93 individuals, comprising 25 species were sampled. The obtained COI region had 587 pb, with 310 variable sites, which 257 were parsimoniously informative. In searches in both NCBI and BOLD systems, five species were molecularly redeemed to specie level; 17 species reached similarities of genus level; and the remaining three morphospecies had resulted in missing records. The methodology of DNA Barcode was satisfactory for the monophyly of molecularly identified species. The maximum intraspecific genetic diversity was 0.34 % and the minimum and maximum interspecific distance was 16 % and 24 %, enabling the safely determination of the gap barcode between 2% to 15% for these data. Although the obtained fragment is not the standard size, it proved to be a suitable length for this work.



## GPE 33

**HISTORIA DEMOGRÁFICA Y FILOGEOGRAFÍA DE GUAZÚ BIRÁ (*Mazama gouazoubira*, FISCHER, 1814) EN URUGUAY**

Elizondo-Patrone C.<sup>1</sup>, L. Bidegaray<sup>2</sup>, P. Aristimuño<sup>1</sup>, S. González<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biodiversidad y Genética, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE-MEC). <sup>2</sup>Laboratorio de Etología, Ecología y Evolución, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE-MEC). <sup>3</sup>Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, UdelaR, Montevideo, Uruguay.  
Email: sgonzalez@iibce.edu.uy

El guazú birá (*Mazama gouazoubira*) es una de las tres especies de ciervos nativos de Uruguay, con un amplio rango de distribución a lo largo de América del Sur. Habita principalmente bosques nativos ribereños. En Uruguay existen registros en 10 departamentos. Es considerada una especie abundante, cuyas poblaciones están disminuyendo debido a las actividades antropogénicas, principalmente la fragmentación y pérdida de hábitat. En este estudio se analiza y compara la variabilidad genética de 28 muestras de diferentes localidades del noreste y sureste del país. Se amplificaron y concatenaron 115 pb de la Región control y 166 de Citocromo b del ADN mitocondrial. Se identificaron 29 sitios polimórficos para el fragmento concatenado. Fueron identificados 22 haplotipos, de los cuales uno sólo es compartido entre individuos del noreste y sureste. El índice de diversidad haplotípica ( $Hd = 0,979$ ) indica una gran variabilidad genética, la cual es muy alta dentro de las localidades y explica el 78,9 % de la varianza genética encontrada ( $F_{st} = 0,21$ ,  $p < 0,001$ ). No se encontró diferenciación entre las localidades del noreste y sureste del país ( $F_{ct} = 0,10$ ,  $p < 0,001$ ). La historia demográfica de la especie en Uruguay comenzó hace 0,8 MA, con una gran expansión ( $R_2 = 0,16$ ,  $p < 0,05$ ;  $r = 0,09$ ,  $p < 0,05$ ) entre  $0,464 \pm 0,06$  MA, seguido de una demografía constante, sin grandes crecimientos ni disminuciones. Estos resultados sugieren grandes tamaños poblacionales donde los tipos de bosques habrían estado actuando como corredor biológico entre dichas poblaciones, permitiendo el intercambio génico.

## GPE 34

**PATRONES DE DIFERENCIACIÓN GENÉTICA EN *Rhamdia quelen* EN LAS CUENCAS DE URUGUAY**

Ríos N.<sup>1,3</sup>, C. Bouza<sup>2</sup>, B. Gomez-Pardo<sup>2</sup>, V. Gutiérrez<sup>1</sup>, J. Guerra-Varela<sup>2</sup>, P. Martinez<sup>2</sup>, G. García<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, UdelaR, Montevideo, Uruguay. <sup>2</sup>Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Campus de Lugo, Universidad de Santiago de Compostela, Lugo, España. <sup>3</sup>Museo Nacional de Historia Natural, Montevideo, Uruguay.  
Email: nrriosp@gmail.com

*Rhamdia quelen* (bagre negro) pertenece al Orden Siluriformes y constituye un recurso valioso en pesquerías y para el desarrollo de la acuicultura. Sin embargo, diferentes estudios contradictorios hacen que la sistemática de esta especie sea controvertida. Es por esto que nos propusimos realizar un análisis filogeográfico utilizando marcadores mitocondriales y nucleares de *R. quelen* en cuencas de Uruguay a los efectos de identificar la estructura poblacional asociada a estos ambientes. En las cuencas cis andinas, los resultados obtenidos permitieron detectar siete linajes mitocondriales altamente divergentes que conforman el complejo *R. quelen*. En Uruguay se detectaron tres de estos linajes (Rq2, Rq3 y Rq4) y debido a que estos presentaron altos valores de divergencia, podrían significar unidades evolutivamente significativas (ESU) para la conservación de recursos genéticos de esta especie en el país. Por último, el análisis a microescala geográfica basado en microsatélites ha permitido diferenciar seis grupos que se distribuyen de la siguiente manera: Laguna del Sauce; Laguna Castillos; Laguna Blanca; Laguna de Rocha; los dos grupos restantes coexisten en las grandes cuencas de Uruguay (incluso habitan una misma localidad). Los seis grupos podrían representar distintas unidades de manejo (MU), unidades prioritarias para la conservación que deberían ser revisadas con el fin de distinguir diferentes características a ser explotadas en la acuicultura.

## GPE 35

### FILOGEOGRAFÍA DE UNA ESPECIE DE CANGREJO ENDÉMICA DE LA PROVINCIA DE MISIONES, ARGENTINA (*Aegla singularis*, CRUSTACEA, DECAPODA, ANOMURA)

Loretán G.<sup>1,2</sup>, E.C. Rueda<sup>2</sup>, P. Collins<sup>1</sup>, F. Giri<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Macrocrustáceos-INALI-CONICET. <sup>2</sup>Laboratorio de Genética, FHUC-UNL, CONICET. Argentina.  
Email: gisela.loretan@yahoo.com.ar

*Aegla singularis* es una especie de cangrejos cuya distribución está restringida a la provincia de Misiones, Argentina. Habita en ríos y arroyos de dos subcuencas del Sistema del Plata, la del río Uruguay y la del río Paraná. Los sistemas de estos ríos no presentan conexiones entre sí a lo largo de dicha provincia, ya que están separados por cadenas montañosas. Estudios previos, realizados mediante morfometría geométrica, demostraron diferencias morfológicas entre ejemplares de ambas subcuencas. Por este motivo, el objetivo de este trabajo fue estudiar si dichas poblaciones presentan, además, estructura a nivel molecular. Para ello, se amplificaron mediante PCR, 57 muestras de *A. singularis* pertenecientes a dos poblaciones del Uruguay y cuatro del Paraná con un marcador mitocondrial (COII). Para este gen se encontró una diversidad haplotípica de 0,68 y un número de haplotipos de 13. Por otro lado, se amplificaron 19 individuos de cinco poblaciones, una del Uruguay y cuatro del Paraná con un marcador nuclear (EFA1). El número de haplotipos en este caso fue de 19 y la diversidad haplotípica de 1. No se encontró estructura entre las poblaciones en ninguno de los casos, por lo que se considera que la división entre las poblaciones es reciente y no se expresan a nivel molecular.

## GPE 36

### DIVERSIDAD GENÉTICA Y SELECCIÓN EN EL GEN RECEPTOR DE MELACORTINA 1 (MC1R) EN CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS

Varas V.<sup>1</sup>, R. Rivera<sup>2</sup>, J.P. Vásquez<sup>3</sup>, J.C. Marín<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Austral de Chile. <sup>2</sup>Universidad del Bio Bio. <sup>3</sup>Universidad de Concepción. Chile.  
Email: valeria.varasa@gmail.com

La domesticación es un proceso microevolutivo que resulta de la selección de individuos con fenotipos útiles para beneficio humano. Los Camélidos Sudamericanos (CSA) están representados por cuatro especies. Dos de ellas silvestres: vicuñas y guanacos, y dos de ellas domesticas: alpacas y llamas. El color de capa jugó un papel fundamental entre las características seleccionadas durante el proceso de domesticación de CSA. El color de capa y piel de mamíferos está determinado por un importante número de genes compartidos entre diferentes especies. Entre ellos, el gen para el receptor de melacortina 1 (MC1R) desempeña un papel crucial. Estudios del MC1R en alpacas han identificado mutaciones que modificarían la expresión del gen que producirían las variedades de colores existentes. En llamas, vicuñas y guanacos, sin embargo, no se ha estudiado las variaciones de este gen y sus implicancias en la coloración de ellas. Investigamos aquí la secuencia del gen MC1R en las cuatro especies de CSA. De un total de 14 polimorfismos detectados, cuatro de ellos fueron nuevos para el grupo; con nueve polimorfismos compartidos entre las especies domésticas, lo que sugiere la posibilidad de eventos de introgresión. Nuestros resultados muestran un  $h$  y  $\Pi$ , más alto en alpacas, llamas y vicuñas, con señales de selección en las especies domésticas. Estos hallazgos proporcionan buenos discriminantes genéticos entre las especies silvestres y domésticas de CSA, con aplicación en análisis de DNA forense y arqueológicos; además de avanzar en la comprensión del proceso de domesticación de estos animales.

## GPE 37

**DESARROLLO Y CARACTERIZACIÓN DE LOCI MICROSATÉLITES MEDIANTE SECUENCIACIÓN MASIVA EN *Engraulis ringens* JENYNS, 1842**

Ferrada Fuentes S.<sup>1</sup>, C. Canales Aguirre<sup>2,4</sup>, V. Yañez Herrera<sup>3</sup>, C. Caamaño Araneda<sup>4</sup>, R. Galleguillos Gonzalez<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética y Acuicultura, Departamento de Oceanografía, Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Universidad de Concepción. <sup>2</sup>Centro i-mar, Universidad de Los Lagos. <sup>3</sup>Laboratorio de Genética y Acuicultura, Departamento de Oceanografía, Programa de Magister en Zoología, Universidad de Concepción. <sup>4</sup>Laboratorio de Genética y Acuicultura, Departamento de Oceanografía, Universidad de Concepción. Chile.  
Email: sferrada@udec.cl

En el ámbito de la genética pesquera los patrones espaciales y temporales de la diversidad genética es la clave para el entendimiento de los procesos evolutivos y ecológicos que influyen la biodiversidad, así como proveer un marco espacial y temporal explícito para la conservación y manejo de los recursos genéticos que constituyen pesquerías. En este contexto la evidencia genética de *loci* específicos del ADN nuclear sugiere un importante flujo génico del clupeiforme pelágico *Engraulis ringens*, conocida como anchoveta en su distribución en la corriente de Humboldt. Sin embargo esta evidencia debe ser mejorada en pro de mejorar la cobertura de marcadores moleculares en el genoma de *E. ringens*, permitiendo de esta forma la toma de decisiones de la administración pesquera frente a la mejor información científica disponible. Con esta finalidad se desarrollaron y caracterizaron *loci* microsatélites a partir de secuenciación masiva. Para esto se utilizó un pool de ADN genómico analizado en secuenciador 454 GS Jr de Roche. De la ronda de secuenciación se obtuvieron 136.537 lecturas de ADN con un largo promedio de 387 pb, de las cuales 27.352 son secuencias que presentan regiones microsatélites, permitiendo el diseño de partidores para 13.211 secuencias de ADN. Finalmente se caracterizaron 32 *loci* microsatélites en 50 ejemplares de anchoveta capturados en la costa de Chile, registrándose riquezas alélicas entre 2 a 33 alelos, y heterocigosidades observadas entre 0,455 a 0,932, con adecuados niveles de polimorfismo para su aplicación a nivel poblacional.

## GPE 38

**ESTUDIO PRELIMINAR DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE STOCKS SILVESTRES Y DE CULTIVO DE PACÚ (*Piaractus mesopotamicus*) EN ARGENTINA**

Del Pazo F.<sup>1</sup>, S. Sanchez<sup>2</sup>, V.M. Posner<sup>1</sup>, H.A. Giménez<sup>2</sup>, J. Diaz<sup>1,3</sup>, A.A. Sciara<sup>1,3,4</sup>, S.E. Arranz<sup>1,3</sup>, G.V. Villanova<sup>1,5</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biotecnología Acuática, FCByF-UNR-MCyTSF. <sup>2</sup>Instituto de Ictiología del Nordeste, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNNE. <sup>3</sup>Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario-CONICET. <sup>4</sup>Acuario del Río Paraná <sup>5</sup>CCT-Rosario, CONICET. Argentina.  
Email: gvillanova@fbioyf.unr.edu.ar

El cultivo de Pacú (*Piaractus mesopotamicus*) es la principal actividad de acuicultura en Argentina y una de las más importantes en países de la región como Brasil. Sin embargo poco se conoce sobre los recursos genéticos disponibles y la diversidad genética de las poblaciones silvestres y de cultivo. Por otra parte el manejo de los reproductores, generalmente se realiza sin conocer el parentesco de los mismos. En este estudio se analizó la diversidad genética y el grado de parentesco presente en reproductores provenientes de ocho establecimientos dedicados al cultivo de pacú y en una población silvestre. El análisis se realizó a través del Servicio Tecnológico del CONICET ST2353-Rosario, utilizando ocho *loci* microsatélites. La diversidad genética se evaluó mediante el cálculo de la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) y observada ( $H_o$ ), y a través del número de alelos por locus, por cada sitio de muestreo. En la población silvestre, el número medio de alelos por marcador ( $A$ ) fue 6,500, la  $H_e = 0,736$  y  $H_o = 0,726$ . En cautiverio  $A = 6,375$ ,  $H_o = 0,5611$  (entre 0,213 a 0,864) y  $H_e = 0,5767$  (entre 0,330 a 0,736). Los valores de coeficiente de parentesco  $r_{TrioMl}$  entre todos los individuos analizados variaron entre 0 y 0,987, indicando la ocurrencia de parientes cercanos dentro de los *stocks* de cultivo analizados. Se considera prioritario iniciar el manejo controlado de los reproductores para evitar los efectos negativos de la endogamia.

## GPE 39

### CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS: DE LOS CROMOSOMAS AL GENOMA

Marín J.C.<sup>1</sup>, V. Varas<sup>2</sup>, R. Rivera<sup>3</sup>, J.P. Vásquez<sup>4</sup>, K. Romero<sup>4</sup>, A. Palma<sup>1</sup>, B. Aguayo<sup>1</sup>, T. Ruíz<sup>1</sup>, D. Vidal<sup>1</sup>, N. Aravena<sup>1</sup>, B. González<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Universidad del Bio-Bio. <sup>2</sup>Universidad Austral de Chile. <sup>3</sup>Universidad Santo Tomás. <sup>4</sup>Universidad de Concepción. <sup>5</sup>Universidad de Chile. Chile.  
Email: jcmarin@ubiobio.cl

Las vicuñas y los guanacos son los herbívoros silvestres nativos más importantes en las estepas de América del Sur y los ungulados dominantes en una fauna rica en roedores pero pobre en megamamíferos. Las llamas y alpacas, por su parte, son los más conspicuos y autóctonos animales domesticados sudamericanos. Los camélidos sudamericanos representan una oportunidad única para un estudio de este tipo, ya que, a diferencia de la mayoría de otros tipos de ganado doméstico, los dos antepasados silvestres de ambas formas domésticas existen actualmente. Con el objeto de conocer mejor la evolución y domesticación de los camélidos sudamericanos, mostramos aquí nuestros resultados cromosómicos, mtDNA, marcadores del cromosoma Y, microsatélites, genes para el color y los primeros resultados del genoma de estas especies. Nuestros resultados avanzan en la determinación del origen de las formas domésticas y proporcionan recomendaciones específicas para la conservación de sus recursos genéticos, y la identificación de las MUs y ESUs en guanacos y vicuñas. Por primera vez además, evaluamos el grado y la dirección de la hibridación entre especies domésticas, y proporcionamos marcadores genéticos útiles para diferenciar las especies silvestres de sus formas domésticas derivadas. Estos resultados permiten avanzar en la identificación de las bases genéticas de los rasgos que permitan acelerar el mejoramiento genético de la fibra y la producción de carne en estos animales tan esenciales para el estilo de vida y la economía de los pueblos andinos.

## GPE 40

### CHARACTERIZATION OF 12 MICROSATELLITE LOCI OF *Aedes aegypti* (STEGOMYIA) FROM SIX POPULATIONS OF RIO DE JANEIRO, BRAZIL

Borges P.F.<sup>1,3</sup>, R.L. Schama<sup>2</sup>, L.F. Lima<sup>2</sup>, B.S. Souza<sup>3</sup>, J.B.P. Lima<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Postgraduate in Tropical Medicine, Oswaldo Cruz Institute, RJ, Brasil. <sup>2</sup>Laboratory of Computational Biology and Systems, Oswaldo Cruz Institute, RJ, Brazil. <sup>3</sup>Laboratory of Fisiology and Arthropod Vectors, Oswaldo Cruz Institute, RJ, Brazil.  
Email: paula.feruz86@gmail.com

*Aedes aegypti* is the primary vector for dengue, chikungunya and zika virus in urban and sub-urban tropical areas across the world. It is an exotic species to the American continent and has synanthropic and anthropophilic behavior. Measures for disease control rely on vector control which is greatly influenced by mosquito geographical distribution and dispersal patterns. In this study we aimed to better understand the dispersal pattern and genetic structure of *A. aegypti* within port areas of the Guanabara Bay in Rio de Janeiro state, Brazil. Six populations of metropolitan region of Rio de Janeiro (Downtown Rio de Janeiro, Governador island, Niterói, São Gonçalo and including two areas of Paquetá, one intensely inhabited island) were analyzed with 12 microsatellite markers. Thirty mosquitoes from each location were collected by ovitraps (traps for eggs). All loci were polymorphic and the number of alleles per loci ranged from two to 19. The average observed heterozygosity (Ho) and expected average heterozygosity (He) ranged from 0.053 - 0.092 and 0.046 - 0.056, respectively. The genotypes analyzed showed low values of genetic structure (Fst= 0.002 - 0.034) and 15 private alleles among populations. Interestingly, the results also showed some genetic structure between the two sample sites within the island of Paquetá, named Paquetá Bridge and Paquetá Field. Paquetá Field is genetically closer to two other port areas within the Bay that are geographically more distant than Paquetá Bridge. This might indicate the relative importance of smaller boat traffic in the area.

## GPE 41

### CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL PUMA (*Puma concolor* LINNAEUS 1771) EN LA REGIÓN CENTRAL DE ARGENTINA, A TRAVÉS DEL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO OXIDASA I

Tintorelli R.G.<sup>1</sup>, M.E. Mac Allister<sup>1</sup>, C.E. Figueroa<sup>1,3</sup>, C.S. Carnovale<sup>1,2</sup>, G.P. Fernández<sup>1</sup>, M.L. Merino<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Centro de BioInvestigaciones/CIT NOBA (UNNOBA). <sup>2</sup>CIC. <sup>3</sup>CONICET. Argentina.  
Email: ramitintorelli@gmail.com

El puma (*Puma concolor* Linnaeus 1771) es un predador generalista, con una amplia distribución geográfica desde el norte de Canadá hasta el Sur de Chile. A lo largo de su distribución geográfica el puma ha sido intensamente perseguido por depredar animales domésticos. Este hecho sumado al desconocimiento respecto a diferentes aspectos de la genética y taxonomía de esta especie, así como la fragmentación y pérdida del hábitat natural, constituye una amenaza a su preservación como especie, principalmente a nivel local. A través del presente trabajo se propone realizar la caracterización genética del puma de la región central de Argentina, e inferir las relaciones evolutivas, filogenéticas y taxonómicas entre estas poblaciones y otras a lo largo de su distribución geográfica. Con esta finalidad se llevó a cabo un análisis preliminar a partir de muestras de dos poblaciones de la provincia de Neuquén (Ancatruz, n= 5 y Cerro Campanario, n= 17) para un fragmento del gen mitocondrial Citocromo Oxidasa I (622 pb), ampliamente utilizado tanto para estudios filogenéticos como filogeográficos. Para el conjunto de secuencias analizadas fue encontrado sólo un haplotipo, el cual diverge en una mutación del único haplotipo reportado para poblaciones canadienses. En estudios anteriores se observó que para diferentes grupos biológicos incluido el puma, tanto la diversidad de especies como la variabilidad genética intraespecífica fue mayor para poblaciones de América del Sur que para aquellas de América del Norte. A pesar de preliminares, nuestros resultados no apoyan esta hipótesis.

## GPE 42

### FILOGEOGRAFÍA COMO HERRAMIENTA PARA LA CONSERVACIÓN: ANÁLISIS DEL GÉNERO *Caiman* EN ARGENTINA

Ojeda G.<sup>1</sup>, E. Rueda<sup>1</sup>, P. Amavet<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética, CONICET, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Ciudad Universitaria, Santa Fe, Argentina.  
Email: g.ojedaschulte@gmail.com

La Filogeografía estudia los procesos históricos que podrían influenciar las distribuciones geográficas contemporáneas de los individuos. El objetivo del trabajo fue determinar parámetros genético-poblacionales del género *Caiman* en Argentina. En nuestro estudio se analizaron 41 ejemplares de *Caiman latirostris* y 14 de *Caiman yacare* provenientes de tres provincias argentinas. Se amplificaron y secuenciaron 842 pb del citocromo B y se incluyó para el análisis como grupo externo, dos secuencias de *Alligator mississippiensis*. Como resultado identificamos 12 haplotipos. La diversidad haplotípica fue de 0,541 y la diversidad nucleotídica de 0,04507. Se observó que 38 de los 41 individuos bajo estudio de *C. latirostris* presentaban la misma configuración haplotípica, encontrando sólo cuatro haplotipos para esta especie. Por el contrario se observaron siete haplotipos para los 14 individuos de *C. yacare*. Podemos concluir que ambas especies de caimanes presentes en Argentina presentan historias evolutivas distintas: el yacaré overo (*C. latirostris*) evidencia baja variabilidad haplotípica a nivel mitocondrial y es objeto de programas de manejo y recuperación de sus poblaciones naturales desde hace más de 25 años, por lo que probablemente estos resultados estén siendo influenciados por esto; a diferencia del yacaré negro (*C. yacare*) que muestra más haplotipos en menor cantidad de individuos, éste ha sido incluido recientemente en este tipo de prácticas. Los resultados observados indican la importancia del monitoreo genético de estas especies sometidas a programas de manejo y uso sustentable.

## GPE 43

### ANÁLISIS DEL EFECTO GENOTÓXICO DE COMPUESTOS AGROQUÍMICOS EN POBLACIONES NATURALES DE *Salvator merianae* MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES

Vanzetti A.<sup>1,2</sup>, G. Ojeda<sup>1</sup>, G. Loretan<sup>1</sup>, G. Poletta<sup>1,2</sup>, P. Siroski<sup>2</sup>, P. Amavet<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética, CONICET, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Ciudad Universitaria, Santa Fe, Argentina. <sup>2</sup>Proyecto Yacaré, Laboratorio de Zoología Aplicada: Anexo Vertebrados (FHUC-UNL/MASPyMA), Santa Fe, Argentina.  
Email: aguvanzetti@gmail.com

La iguana overa (*Salvator merianae*) es una especie de reptil que se encuentra expuesta constantemente a la acción de agroquímicos. Este trabajo tiene como objetivo evaluar posibles alteraciones genéticas comparando individuos de ambientes expuestos y no expuestos a plaguicidas, utilizando marcadores RAPD. Para ello, se analizaron 40 individuos de iguana overa provenientes de un ambiente presuntamente no contaminado y 40 individuos de una zona agrícola-ganadera, ambos de la provincia de Santa Fe, Argentina. Los extractos de ADN se amplificaron con un set de marcadores RAPD (series A y B de Promega para RAPD), de los cuales se eligió el marcador A6 como indicador de variabilidad por el gran número de bandas que amplifica (33 loci). Los productos de PCR fueron analizados en geles de poliacrilamida al 4%, teñidos en solución de nitrato de plata. Se tomaron fotografías de los geles para su posterior análisis y elaboración de matrices. Las matrices de bandas se analizaron con el programa TFGA 1.3, y los resultados demuestran valores similares de variabilidad (Heterocigosis esperada ambiente expuesto= 0,449; Heterocigosis esperada ambiente control= 0,445; Porcentaje de loci polimórficos ambiente expuesto= 96,96; Porcentaje de loci polimórficos ambiente control= 100), no observando diferencias entre ambos ambientes. Los datos obtenidos revelan que es necesario ampliar el muestreo de individuos y de marcadores para confirmar los presentes resultados.

## GPE 44

### ESTRUCTURA GENÉTICA EN EL COMPLEJO JETHYS (LEPIDOPTERA: PIERIDAE) EN MÉXICO

Jasso-Martínez J.M.<sup>1</sup>, A.N. Castañeda-Sortibrán<sup>1</sup>, S.C. Machkour-M'Rabet<sup>2</sup>, R. Rodríguez-Arnáiz<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México. <sup>2</sup>Laboratorio de Ecología Molecular y Conservación, El Colegio de la Frontera Sur, Unidad Chetumal, Chetumal, Quintana Roo, México.  
Email: nitxin@ciencias.unam.mx

Se investigó la estructura y variación genética en las especies del complejo jethys (Lepidoptera: Papilionoidea; *Enantia*) en México. Se estudiaron cinco localidades (en Veracruz, Puebla y Oaxaca) a través de dos marcadores ISSR. Se encontraron niveles de polimorfismo altos en poblaciones de la misma especie ( $P: E. m. mazai = 84,02$ ,  $E. albania = 92,19$ ,  $E. jethys = 97,35$ ), así como de heterocigosis ( $He: E. m. mazai = 0,150$ ,  $E. albania = 0,196$ ,  $E. jethys = 0,262$ ). *E. m. mazai* es el miembro del complejo jethys con mayor diferenciación genética entre subpoblaciones ( $GST = 0,0535$ ) y *E. jethys* es la especie con mayor flujo de genes entre subpoblaciones ( $Nm = 20,07$ ). Se encontró evidencia de posible hibridación e introgresión direccionales en el grupo a través de una aproximación bayesiana en Structure, donde *E. jethys* y *E. mazai* presentan un componente genético de *E. albania*. En cuanto a la hibridación, ésta parece ser sólo entre *E. albania* con cualquiera de las otras especies, pero nunca entre *E. jethys* y *E. mazai*. También se observó una diferencia en la diversidad entre machos y hembras de *E. m. mazai*, sin embargo dichas diferencias no fueron significativas.

## GPE 45

**EVALUACIÓN DE SEÑAL FILOGENÉTICA EN LA FORMA DE CANGREJOS DE AGUA DULCE (DECAPODA-AEGLIDAE)**

Giri F.<sup>1,2</sup>, J.M. Cabrera<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INALI (CONICET-UNL). <sup>2</sup>FHUC (UNL), Argentina.

Email: fedegiri@gmail.com

La señal filogenética se observa cuando algún rasgo fenotípico se ajusta a las relaciones filogenéticas de un grupo. Los rasgos son el resultado de diferentes aspectos adaptativos (aspectos funcionales, estructurales y filogenéticos). En este trabajo evaluamos la presencia de señal filogenética en 13 especies de cangrejos de agua dulce del género *Aegla* utilizando datos genéticos y de morfometría geométrica. Se analizaron secuencias de los genes 16S y COI de 13 especies de aeglidos extraídas de la base de datos GenBank (NCBI). Se realizaron inferencias filogenéticas utilizando criterios de Máxima Verosimilitud de ambos genes por separado. Se seleccionaron 21 *landmarks* de la región dorsal del caparazón para estudiar las formas. Las relaciones filogenéticas observadas coincidieron con estudios previos. Se obtuvieron tres subárboles, de los cuales dos coincidieron con la distribución de las especies. Los análisis de morfometría geométrica evidenciaron agrupaciones en relación a la distribución geográfica de las especies (PC1= 34,76% y PC2= 28,87% de las variaciones de forma explicadas). Al mapear la forma a la filogenia este patrón no se soporta para las relaciones de las 13 especies estudiadas. A pesar de las relaciones obtenidas con ambos análisis, no se rechaza la hipótesis nula de ausencia de señal filogenética para los dos genes estudiados y la configuración de *landmarks* utilizada ( $p > 0,05$ ). Las principales variaciones de forma (PC1) se observaron en el rostro y en la región posterior del cefalotórax.

## GPE 46

**ESTUDIO DE LA DIVERGENCIA DE LA MORFOLOGÍA GENITAL EN *Drosophila***

Colines B.<sup>1</sup>, N. Frankel<sup>1</sup>, E. Hasson<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución (CONICET), FCEyN, UBA, Argentina.  
Email: betinacolines@gmail.com

Uno de los ejemplos más impactantes de rápida evolución morfológica son las estructuras genitales externas de animales con fecundación interna. Para poder entender los mecanismos evolutivos que subyacen a la rápida evolución de estas estructuras es necesario conocer su arquitectura genética. Las especies crípticas que conforman el cluster *buzzatti* (género *Drosophila*, grupo repleta) son un modelo ideal debido a que morfológicamente son indistinguibles, salvo por las sutiles diferencias a nivel de la morfología del órgano copulador del macho (aedeago). Con el objetivo final de dilucidar las bases genéticas de la divergencia del aedeago, utilizamos un método de introgresión selectiva en el par de especies *D. koepferae* y *D. borborema*. Para esto las hembras híbridas  $F_1$  se retrocruzaron con machos de la especie parental con menor tamaño de aedeago (*D. borborema*) y, de ahí en más, se seleccionaron las líneas que mostraron aedeagos de tamaño similar al otro parental (*D. koepferae*). De esta manera logramos obtener líneas introgresantes con un genoma residual de *D. borborema* enriquecidas con elementos genómicos asociados al tamaño genital de la otra especie. En este trabajo evaluamos la respuesta a la selección observada en las líneas introgresantes, las cuales se utilizarán para experimentos de mapeo por NGS.

## GPE 47

### IDENTIFICACIÓN DE LOS STOCKS DEL CAZÓN (*Galeorhinus galeus*) EN EL SECTOR NORTE DEL MAR ARGENTINO, UTILIZANDO EL MARCADOR MITOCONDRIAL NADH2

Cuevas J.M.<sup>1</sup>, M.L. García<sup>1,2</sup>, M.V. Cuello<sup>3</sup>, E. Di Giacomo<sup>4</sup>, A.J. Jaureguizar<sup>5,6</sup>, A.C. Milessi<sup>5,6</sup>. <sup>1</sup>Museo de La Plata. <sup>2</sup>CONICET. <sup>3</sup>IMBICE. <sup>4</sup>UNCOMA. <sup>5</sup>CIC. <sup>6</sup>INIDEP. Argentina.  
Email: cuevasjuanmartin@gmail.com

El cazón, *Galeorhinus galeus*, es una especie migratoria del Atlántico Sudoccidental (ASO) que ha sido explotada por pesquerías artesanales e industriales de Brasil, Uruguay y Argentina. Esta especie ha sido clasificada como Críticamente Amenazada (UICN) para el ASO, debido a la pérdida del 80% de su biomasa original, como consecuencia de la pesca no regulada desde el inicio de su explotación comercial a mediados de 1930. El objetivo de este trabajo fue analizar la estructura poblacional del cazón en el sector norte de su distribución en el Mar Argentino (Distrito Bonaerense), con el propósito de identificar potenciales stocks y mejorar las estrategias de conservación. Se analizaron 22 secuencias del gen mitocondrial NADH2 de 404 pb, de ejemplares procedentes de dos áreas: litoral bonaerense (n= 10) y Golfo San Matías (n= 12). Los resultados indican que los cazones presentaron cuatro haplotipos para la región codificante mitocondrial NADH2, siendo uno de ellos ancestral. Las secuencias mostraron tres sitios polimórficos y todos los cambios detectados fueron transiciones citosina-timina. La diversidad nucleotídica y haplotípica total fue de 0,00156 y 0,51 respectivamente. Los mayores valores de diversidad nucleotídica (0,00195) y haplotípica (0,67) se registraron en el Golfo San Matías. Respaldando la hipótesis planteada de la existencia de una sola población para el ASO, los ejemplares de cazón del sector norte del Mar Argentino, no presentan diferencias génicas estructurales entre las áreas, sugiriendo la presencia de un solo stock.

## GPE 48

### VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y HEREDABILIDAD DE LA FORMA EN LA REGION CEFÁLICA DEL LAGARTO OVERO: AMBIENTE NATURAL VS. AMBIENTE PERTURBADO

Imhoff C.<sup>1</sup>, F. Giri<sup>2,3</sup>, P. Amavet<sup>1,3,4</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética, CONICET, FHUC, Universidad Nacional del Litoral, Ciudad Universitaria, Santa Fe, Argentina. <sup>2</sup>Instituto Nacional de Limnología (CONICET-UNL), Ciudad Universitaria, Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup>Facultad de Humanidades y Ciencias, UNL, Ciudad Universitaria, Santa Fe, Argentina. <sup>4</sup>Proyecto Yacaré, Laboratorio de Zoología Aplicada: Anexo Vertebrados (FHUC-UNL/MASPyMA), Santa Fe, Argentina.  
Email: carolinagimhoff@gmail.com

Las herramientas de morfometría geométrica permiten encontrar diferencias en la forma de los organismos, relacionar la forma con las variables ambientales y estimar los valores de heredabilidad mediante la integración de la genética cuantitativa. El objetivo del presente trabajo es estudiar la forma de la región cefálica de *Salvator merianae*, mediante un análisis de componentes principales y un análisis de variantes canónicas; analizar la covariación de la forma con las variables ambientales, mediante un método de mínimos cuadrados parciales; y estimar los valores de heredabilidad, poniendo especial interés en la comparación de los datos obtenidos de poblaciones provenientes de ambientes naturales y perturbados. Para ello se analizó la vista dorsal y lateral derecha de 60 especímenes provenientes de seis poblaciones diferentes de la provincia de Santa Fe (Argentina). En ambas configuraciones (dorsal y lateral) se obtuvieron diferencias estadísticamente significativas entre las poblaciones y covariación significativa con las variables ambientales, además hubo una marcada diferenciación entre las que provenían de ambientes naturales y las de ambientes perturbados. Los valores de heredabilidad obtenidos son: Dorsal= 0,88; Lateral= 0,86. Los resultados llevan a concluir que la especie posee una adecuada plasticidad fenotípica para adaptarse al tipo de ambiente en el que habitan, además los altos valores de heredabilidad indican que los fenotipos de las diferentes poblaciones tienen una gran capacidad para responder a las presiones de selección del ambiente.



GPE 49

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE REPRODUCTORES DE CONGRIO COLORADO PARA ESTABLECER SU CULTIVO COMERCIAL EN CHILE

Cordova V.<sup>1</sup>, F. Jilberto<sup>1</sup>, C. Araneda<sup>1</sup>, P. Magnolfi<sup>2</sup>, S. Magnolfi<sup>2</sup>, A. Díaz<sup>2</sup>, N. Lam<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. <sup>2</sup>Colorado Chile S.A. Chile.  
Email: valentina.cordova@ug.uchile.cl

El congrio colorado (*Genypterus chilensis*) es un pez de la familia Ophidiidae, que habita en los fondos rocosos de las costas de Chile. Es una especie con alta demanda en el mercado chileno y su cultivo está en fase experimental. Con el objetivo de caracterizar genéticamente la población base y establecer un plantel de reproductores para su cultivo a mayor escala, se estudió la diversidad genética y el nivel de parentesco de 73 individuos provenientes de tres localidades del centro Norte de Chile. Se analizaron seis microsátelites descritos para *Genypterus blacodes*, *cmrGb3.8.1*, *cmrGb5.2B*, *cmrGb4.2A*, *cmrGb5.9*, *cmrGb4.11* y *cmrGb2.6.1*, cuya amplificación en Congrio colorado fue estandarizada y los fragmentos o alelos obtenidos fueron detectados mediante electroforesis capilar con detección fluorescente en *Fragment Analyzer*. Se analizó la presencia de alelos nulos y otros errores de genotipado mediante MICROCHECKER 2.2.3, se utilizó Cervus 3.0 para los análisis de diversidad genética y exclusión de paternidad y se determinó el parentesco ( $R_{XY}$ ) con Coancestry 1.0 e Identix 1.1. Se obtuvo un contenido de información polimórfica promedio de: 0,8356, un promedio de 15 alelos por locus, la heterocigosidad promedio observada fue: 0,8583 y la probabilidad de exclusión fue 99,5%. El  $F_{IS}$  calculado para estas poblaciones fue: 0,0791. El  $R_{XY}$  promedio fue:  $-0,028 \pm 0,178$ . Se diferenciaron dos grupos emparentados, lo que permitirá realizar cruzamientos entre estos individuos manteniendo un bajo coeficiente de consanguinidad para el inicio del cultivo comercial en Chile.

GPE 50

## DIVERSIDAD GENÉTICA Y DISTRIBUCIÓN DE DOS ARAÑAS QUE HABITAN LAS COSTAS URUGUAYAS

Bidegaray-Batista L.<sup>1</sup>, M.A. Arnedo<sup>2</sup>, R. Postiglioni<sup>1</sup>, P. Pliscoff<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Etología, Ecología y Evolución, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay. <sup>2</sup>Departament de Biologia Animal, Universitat de Barcelona, España. <sup>3</sup>Instituto de Geografía, Facultad de Historia, Geografía y Ciencia Política, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile. <sup>4</sup>Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.  
Email: letigaray@yahoo.com

La costa uruguaya forma parte de un ambiente muy diverso, el cual viene sufriendo alteraciones debido al aumento de infraestructuras, forestación y fragmentación de hábitat, entre otros factores. Estas alteraciones, junto al efecto del calentamiento global, pueden tener efectos negativos sobre la biodiversidad que allí habita. *Allocosa alticeps* y *A. brasiliensis* son arañas lobo que viven en arenales costeros de Argentina, Brasil y Uruguay. Ambas especies son consideradas buenas bioindicadoras del ambiente costero supralitoral y están catalogadas como especies prioritarias para la conservación en Uruguay. Para evaluar el grado de perturbación de este ambiente se integró la información que nos proporcionan los datos genéticos y modelos de distribución potencial de las especies. Se analizó un fragmento de 656 pb del gen mitocondrial *cox1* para 119 individuos de *A. alticeps* y 84 de *A. brasiliensis*, distribuidos a lo largo de la costa del país. Se modeló su distribución en el presente y futuro, bajo un escenario de cambio climático global. Los resultados revelan edades similares del ancestro común más reciente de ambas especies ( $\sim 1$  Ma). No se detecta estructuración espacial de la diversidad genética en ambas especies, y *A. brasiliensis* presenta mayor diversidad genética que *A. alticeps*. La predicción de la distribución en el futuro muestra que se reducirá la distribución de ambas especies y se desplazará hacia el sur, siendo *A. alticeps* la más afectada. Se discute la importancia de este estudio y las implicaciones para la conservación del ambiente costero supralitoral.

## GPE 51

### IDENTIFICACIÓN DE *Xenobrama microlepis* YATSU Y NAKAMURA, 1989, EN LA PESQUERÍA DE *Brama australis* VALENCIENNES, 1837

Herrera-Yáñez V.<sup>1,2</sup>, C.B. Canales-Aguirre<sup>1,3</sup>, S. Ferrada Fuentes<sup>1</sup>, R. Galleguillos<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética y Acuicultura, Departamento de Oceanografía, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. <sup>2</sup>Programa de Magister en Zoología, Departamento de Zoología, Universidad de Concepción. <sup>3</sup>Centro i-mar, Universidad de Los Lagos, Puerto Montt, Chile.  
Email: victoriaherrera@udec.cl

En actividades pesqueras, peces que se encuentran en baja abundancia y son morfológicamente similares a otros peces son a menudo indetectables en los lances de pesca, lo que contribuye a aumentar las estadísticas de la especie objetivo. En la familia Bramidae la especie *Xenobrama microlepis* es un género monotípico descrito en 1989, que presenta una forma similar a especies del género *Brama*. Esta especie se ha descrito sólo una vez, y como parte de la captura incidental de *Brama australis* en aguas de Nueva Zelanda, y nunca en la zona económica exclusiva de Chile. Se obtuvieron 20 muestras de un lance desde la pesquería artesanal de *B. australis* ubicada en Calbuco, Chile. Basado en análisis moleculares, se utilizó secuencias del gen mitocondrial COI para caracterizar los individuos provenientes del lance. Se comparó las secuencias obtenidas del lance usando BLAST y se reconstruyó un árbol filogenético con especies de la subfamilia Braminae utilizando el método Neighbor-Joining. Del lance se identificaron seis individuos que coincidían con *X. microlepis*, con una similitud del 99%, y un e-valor de significación estadística de 0, lo que sugiere la evidencia de homología. Se puede concluir que: a) el COI puede diferenciar fácilmente entre las especies de *Brama* y *X. microlepis*; b) el gobierno chileno a través de la Subsecretaría de Pesca y Acuicultura debe prestar atención a los desembarques de *B. australis* con el fin de no sesgar sus estadísticas de pesca incluyendo *X. microlepis*; y c) la presencia de *X. microlepis* aumenta la biodiversidad marina regional de peces en aguas chilenas.

## GPE 52

### ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE TRES MORFOTIPOS DE LA SANGUIJUELA GIGANTE, *Americobdella valdiviana* (ANNELIDA: HIRUDINEA), DE LA PROVINCIA DE VALDIVIA

Alun E.<sup>1</sup>, J.J. Nuñez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Sistemática, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.  
Email: elizabethalun@gmail.com

*Americobdella valdiviana* (Philippi, 1872) es una especie de sanguijuela endémica y monotípica de los bosques templados del sur de Chile. Esta especie es considerada una sanguijuela gigante, ya que puede llegar a medir más de 20 centímetros de largo. Su posición taxonómica ha sido, desde su descripción, una gran incerteza debido a que presenta varios morfotipos dependiendo de la región geográfica, generando diversas opiniones e hipótesis taxonómicas entre distintos autores. El objetivo de este estudio fue determinar la posición filogenética de tres morfotipos observados en esta especie. Para ello, se obtuvieron secuencias de Citocromo Oxidasa I (COI) de cuatro especímenes representantes de estos morfotipos. Las secuencias obtenidas fueron comparadas filogenéticamente con secuencias de Hirudinida (disponibles en *GenBank*), usando los criterios de Parsimonia, Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana. Los resultados obtenidos muestran que los morfotipos forman un grupo monofilético, infiriéndose que corresponderían a la misma especie. También se corroboró lo señalado por otros autores con respecto a la cercanía filogenética de *A. valdiviana* y el grupo de los erpobdélidos. Este estudio genera importante información taxonómica para los hirudíneos de Chile, pero aún se mantienen interrogantes sobre la historia de vida de esta especie, incentivando nuevos estudios.

## GPE 53

**LAS BASES GÉNÉTICAS DE LOS PATRONES MORFOLÓGICOS MICRO Y MACROEVOLUTIVOS: EL CASO DE LA VARIACIÓN CUTICULAR EN *Drosophila***

Cabrera Rodríguez N.E.<sup>1</sup>, A. Faigón Soverna<sup>1</sup>, E. Preger-Ben Noon<sup>2</sup>, D.L. Stern<sup>2</sup>, N. Frankel<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA-CONICET, UBA, Argentina. <sup>2</sup>Janelia Research Campus, Howard Hughes Medical Institute, Ashburn, VA, EEUU.  
Email: nahuelcabrera@ege.fcen.uba.ar

En el marco de la biología evolutiva, es de interés conocer cuáles son las diferencias genéticas que provocan la variación morfológica intra e interespecífica. Un modelo establecido para estudiar la evolución morfológica en *Drosophila* son las diferencias en el patrón de tricomas (prolongaciones en forma de pelo) en la cutícula del primer estadio larval. El número de tricomas en el dorso de la larva varía entre las especies de *Drosophila*. Sabemos que cambios genéticos en la región regulatoria del gen *shavenbaby* (*svb*) son los responsables de la pérdida de tricomas dorsales en las especies *D. sechellia* y *D. ezoana*. A la vez *D. virilis* es la única especie cuyas poblaciones presentan variación en el número de tricomas dorsales. Bajo este escenario, nos propusimos dilucidar si las bases genéticas que subyacen a la variación del patrón cuticular son las mismas dentro y entre especies. Para ello, generamos 96 líneas recombinantes endocriadas (RILs) derivadas de dos poblaciones de *D. virilis* con fenotipos cuticulares contrastantes. A partir del mapeo de QTLs con las RILs se detectó un sólo QTL en el cromosoma X, cuyo LOD máximo coincide con la posición de la región regulatoria del gen *svb*. Este QTL explica un gran porcentaje de la variación en el fenotipo, pero no la totalidad del mismo. Mediante experimentos de transgénesis confirmamos que otros *loci* del genoma afectan la actividad de un enhancer transcripcional de *svb*. A la luz de estos resultados, podemos concluir que las bases genéticas de la variación analizada son similares (pero no idénticas) a nivel intra e interespecífico.

## GPE 54

**VARIACIÓN INTRAESPECÍFICA EN LA TUCURA DE IMPORTANCIA AGRONÓMICA: *Dichroplus elongatus***

Zelarayán M.<sup>1</sup>, N. Rosetti<sup>1</sup>, M.I. Remis<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética de la Estructura Poblacional, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, Universidad Buenos Aires, IEGEBA (CONICET), Argentina.  
Email: monizelarayan@gmail.com

*Dichroplus elongatus* es una tucura de importancia agronómica y evolutiva cuyas poblaciones argentinas suelen presentar polimorfismos para cromosomas B. Estudios previos en poblaciones del Este demostraron que los cromosomas B serían tolerados en ciertos ambientes genómicos manteniendo un patrón de variación clinal opuesto al de variación morfométrica. En este trabajo se analizó la variación cromosómica, morfométrica y molecular a través de marcadores ISSR (Inter-Secuencias Simples Repetidas), en poblaciones de las provincias biogeográficas Pampeana y Espinal localizadas en el Centro de nuestro país. Se estudió la variación en el tamaño corporal considerando cinco rasgos (longitud total, de 3° fémur, 3° tibia, tórax y tegmen). Existe considerable variación morfométrica entre sexos (Wilks' Lambda= 0,08; p<0,0001) y entre las poblaciones (Wilks' Lambda= 0,46; p<0,0001) y esa variación esta correlacionada negativamente con la latitud para largo de tibia (p<0,05) y positivamente con la longitud para tórax y de tibia (p<0,05 en ambos casos). La frecuencia de B en la región del Centro fue semejante a la detectada en el Este (X<sup>2</sup>= 0,03; p>0,05). Se demostró nuevamente que los individuos con B están asociados a menores tamaños corporales. El análisis preliminar de marcadores ISSR describió los niveles de diversidad genética en las poblaciones bajo análisis. Se comparan los patrones de diversidad a diferentes niveles y se infieren posibles procesos involucrados en el mantenimiento de la variabilidad y su vinculación con la capacidad colonizadora de la especie.

GPE 55

## GENÉTICA DE POBLACIONES E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE TIBURONES MIGRATORIOS EN EL OCÉANO PACÍFICO SUR ORIENTAL, FRENTE A LAS COSTAS CHILENAS

Gonzalez F.<sup>1</sup>, P. Barria<sup>2</sup>, F. Ponce<sup>3</sup>, S. Mora<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Biología Celular, Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. Evaluación de Pesquerías, Instituto de Fomento Pesquero. <sup>2</sup>Recursos, Subsecretaría de Pesca y Acuicultura. <sup>3</sup>Evaluación de Pesquerías, Talcahuano, Instituto de Fomento Pesquero. Chile.

Los tiburones pelágicos son capturados por la pesca artesanal e industrial de la pesca del pez espada en la zona económica exclusiva de Chile u otra actividad pesquera, como ocurre a nivel mundial. *Isurus oxyrinchus*, *Prionace glauca* y *Lamna nasus*, están clasificadas como vulnerables por IUCN debido a disminución de tamaños poblacionales y falta de conocimientos del ciclo de vida y patrones migratorios. *L. nasus*, se incorporó a listado de CITES II. Objetivos: Identificación molecular por especie utilizando citocromo CI (COI) y cuantificar variabilidad genética por localidad usando microsatélites y haplotipos de región control de ADN mitocondrial (RC). Definir relación entre los juveniles y adultos, temporalidad del circuito migratorio y su grado de fidelidad a las áreas de crianza. De ADN obtenido de 100 mg de músculo, de juveniles y adultos de *I. oxyrinchus* y de *P. glauca* y juveniles de *L. nasus*, de Coquimbo y Lebu amplificado por PCR con partidores específicos. Se usó el gen *COI* para identificación. Se usaron partidores específicos de microsatélites y RC. Los productos COI y RC se secuenciaron y los alelos de microsatélites fueron separados por cromatografía capilar. El análisis de los datos de identificación se realizó en comparación con bases de datos usando Blast y Genalex. La identificación molecular de las secuencias de las especies fue coherente con las muestras que ingresaron al laboratorio de Genética (>99 %) al ser comparadas con secuencias de bases de datos. Microsatélites y haplotipos evidencian conductas filopátricas. Se diagrama el posible circuito migratorio.

GPE 56

## ESTIMACIÓN DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN UN PLANTEL DE BACALAO DEL ATLÁNTICO EN CHILE

Araneda C.<sup>1</sup>, F. Jilberto<sup>1</sup>, C. Meneses<sup>1,2</sup>, C. Ravest<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. <sup>2</sup>Inversiones Eleutera S.A. Chile. Email: craraned@uchile.cl

Al iniciar el cultivo de una nueva especie es necesario conocer la diversidad genética y grado de parentesco de los individuos que componen la población base. Hemos evaluado la diversidad genética de un grupo de 62 reproductores de bacalao del Atlántico (*Gadus morhua*) criados en Chile, que constituyen probablemente la única población de la especie en el hemisferio Sur. Estos se genotiparon con un panel de 13 SSR polimórficos (*GMO2*, *GMO8*, *GMO19* y *GMO34*, *Gmo-C24* y *Gmo-90*, *Gmo32*, *Gmo-C42* y *Gmo-C52*, *Gmo-C121*, *Gmo-122*, *Tch5* y *Tch13*), donde los posibles errores de genotipado junto con la presencia de alelos nulos se evaluaron con MICROCHECKER 2.2.3. La diversidad genética: número de alelos ( $N_a$ ), heterocigosidades observada y esperada ( $H_o$  y  $H_e$ ), contenido de información polimórfica ( $PIC$ ) y probabilidades de exclusión de paternidad ( $PE$ ) se evaluaron con Cervus 3.0. El parentesco genético ( $R_{xy}$ ) fue evaluado con Coancestry 1.0 e Identix 1.1. Se identificaron los *loci* más informativos con PLOCI. El panel fue polimórfico ( $N_a= 9$ ;  $H_o= 0,5778$ ;  $H_e= 0,7041$  y  $PIC= 0,6585$ ) con una probabilidad de exclusión de paternidad de 99,997; apropiada para su uso en nuestra población de bacalao. Se determinó que el panel más informativo corresponde a siete marcadores SSR.

GPE 57

## DESARROLLO DE UN PANEL DE MARCADORES SNP PARA APLICACIONES EN TRAZABILIDAD DE MEJILLONES

Larrain M.A.<sup>1</sup>, C. Araneda<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ciencia de los Alimentos y Tecnología Química, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. <sup>2</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.  
Email: mlarrain@uchile.cl

La trazabilidad a través de toda la cadena alimentaria -del mar a la mesa- es necesaria para asegurar la calidad e inocuidad de los alimentos, es una exigencia en los sistemas de gestión de inocuidad de alimentos y en la regulación de los principales mercados. Los mejillones (*Mytilus* spp.) son productos del mar de alta importancia económica, cuyo primer nivel de trazabilidad es la identificación de la especie. Los SNP combinados con algoritmos de asignación pueden ser usados para verificar los sistemas de trazabilidad administrativa en mejillones. Se probó la capacidad de un panel de 41 SNPs para identificar la especie en 392 individuos colectados en Chile, Estados Unidos, Canadá, México, Islas Malvinas, China y Polonia. Se genotiparon los individuos usando la metodología GT-Seq (*Genotyping in thousands-by-sequencing*). Se discute el desempeño del panel para realizar identificación de la especie y sus aplicaciones en trazabilidad de mitílidos.