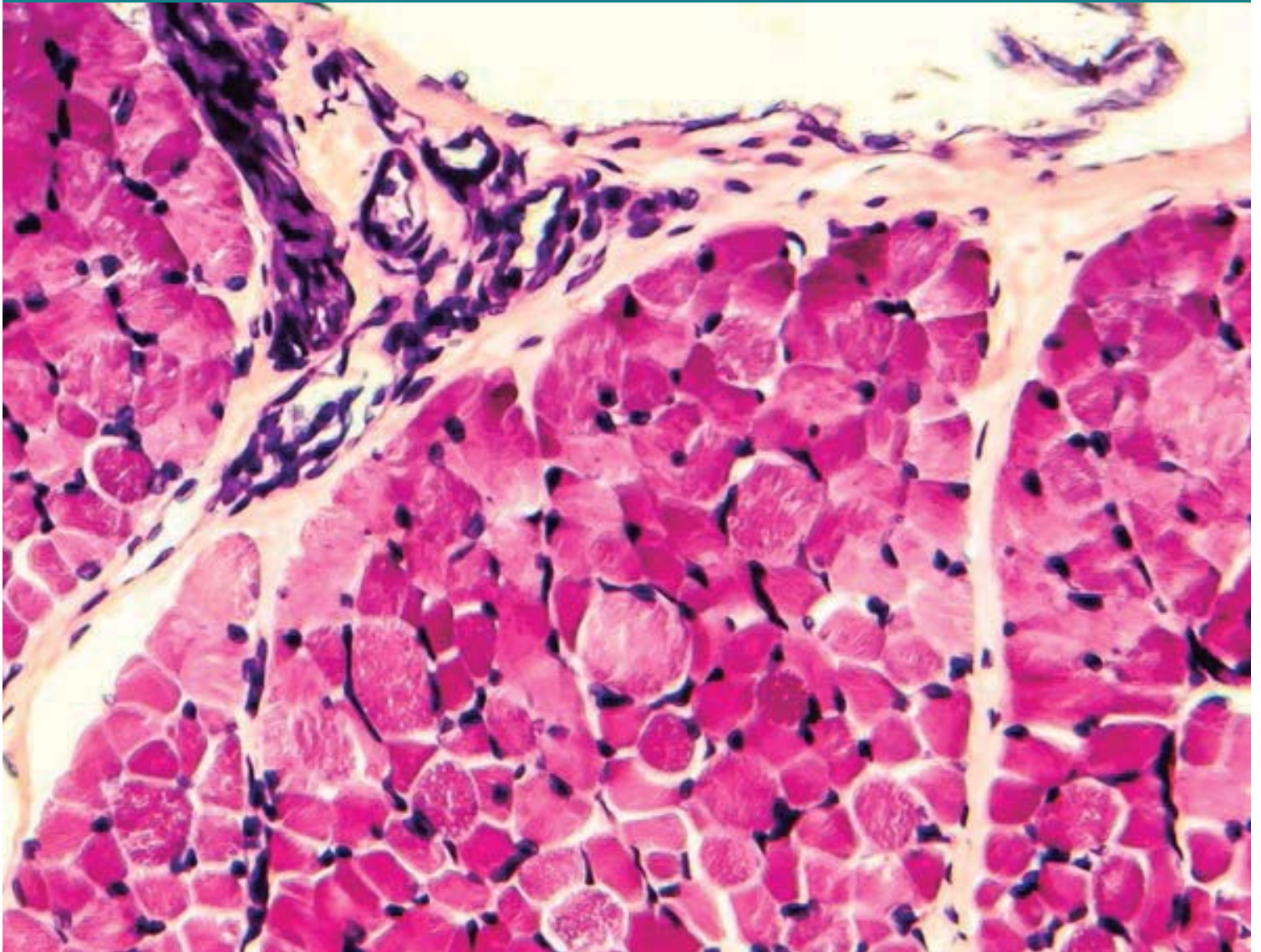


Physiological Mini Reviews

Special Issue
Congreso Nacional de Biociencias
Octubre 2022, Montevideo, Uruguay

15
Volume



Vol. 15, October, 2022
ISSN 1669-5410 (Online)
pmr.safisiol.org.ar





BIOCIENCIAS

II Jornadas Binacionales Argentina Uruguay
III Congreso Nacional 2022
"Ciencia para el desarrollo sustentable"

19 al 21 de Octubre 2022

Radisson Victoria Plaza Montevideo Uruguay

XVIII Jornadas de la SUB

XVIII Jornadas de la Sociedad de Neurociencias del Uruguay

XII Jornadas de la Sociedad de bioquímica y Biología Molecular

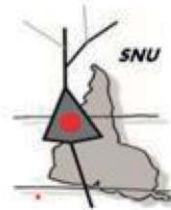
VII Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética

VI Jornadas +Biofísica

III Jornadas de la Asociación de Terapia Génica y Celular del Uruguay

III Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Microscopía e Imagenología XIV

Encuentro Nacional de Microbiólogos



para ensamblar por mapeo el genoma de un macho, anotando e identificando genes del cromosoma Y. Como resultado presentamos la primera secuencia genómica completa y anotada del género *Prochilodus* y de la familia *Prochilodontidae*. Esta versión del genoma contribuye a la caracterización genética del bocachico colombiano y facilitará las estrategias de repoblamiento, pero también, servirá como referencia para otras especies del mismo género, como el sábalo jetón (boca grande), *Prochilodus lineatus*, propio del río Uruguay y sus afluentes. Cumbias colombianas dedicadas al bocachico, para acompañar la lectura de este resumen: El bocachico del Sinú , El bocachico, La subienda, Bocachico frito

353. Caracterización del genoma mitocondrial del bagre negro, *Rhamdia quelen*, en Uruguay

Ariosa, Sofía¹; Etchemendy, Magdalena¹; Altieri, Ana¹; Ríos, Néstor¹

¹ Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República

Rhamdia quelen pertenece al Orden Siluriformes y constituye un valioso recurso zoogenético de la región Neotropical, de importancia en pesquerías y para la acuicultura. Abordajes filogeográficos en las grandes cuencas de la región cis andina basados en el marcador mitocondrial citocromo b han concluido que *R. quelen* representa un complejo de especies integrado por al menos siete linajes mitocondriales. En nuestro país se encuentran tres de estos linajes: Rq2 presente en la cuenca del Río Cuareim; Rq4 en las cuencas del Río Negro, Laguna Merín y Río Uruguay; finalmente, Rq6 que se encuentra en todas las cuencas de Uruguay. Debido a la ausencia de un genoma mitocondrial de *R. quelen* y teniendo en cuenta la profunda divergencia encontrada en este complejo de especies, nos propusimos caracterizar el genoma mitocondrial de los tres linajes de *R. quelen* presentes en Uruguay. Con este objetivo secuenciamos en plataformas DNBseq muestras de ADN total de ocho especímenes de los tres linajes. Todos los genomas mitocondriales fueron ensamblados completamente y variaron de 16475 a 16477 pb, dentro de estos sitios, 1045 fueron variables. Se anotaron 37 genes: 22 ARNt; 13 codificantes; y dos ribosomales. Al analizar la relación de la tasa de sustituciones no sinónimas y la de sinónimas (Ka/Ks), se encontró que los 13 genes codificantes mostraron valores que varían entre 0,01 (COX1) y 0,10 (NADH2). Estos valores de Ka/Ks evidencian la acción de la selección purificadora en la evolución de estos genes.

Palabras clave: *Rhamdia quelen*, genoma mitocondrial, linajes mitocondriales

354. Evaluando el potencial del XP-GWAS en *Eucalyptus*; la heteroblastia foliar como caso de estudio

Giorello, Facundo¹; Fariás, Joaquina¹; Basile, Patricia¹; Balmelli, Gustavo²; Da Silva, Cecilia¹

¹PDU "Espacio de Biología Vegetal del Noreste", CENUR Noreste, sede Tacuarembó, Universidad de la República

²Programa Nacional de Investigación en Producción Forestal, Estación Experimental del Norte, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Tacuarembó, Uruguay

Los eucaliptos son uno de los pilares de la industria forestal, aportando materia prima de alta calidad para diversos usos. Con el fin de mejorar rasgos de interés en estos árboles se desarrollan programas de mejoramiento genético, los cuales suelen ser costosos y requieren mucho tiempo. En este trabajo evaluamos el potencial del método XP-GWAS (Extreme-Phenotype GWAS) para identificar genes candidatos subyacentes a un rasgo cuantitativo en *Eucalyptus*, utilizando como caso de estudio el momento en que se produce la heteroblastia foliar. El XP-GWAS se basa en genotipar pooles de individuos agrupados por fenotipos extremos y opuestos a partir de una población, y comparar las frecuencias alélicas entre los pooles. Utilizando los datos fenotípicos de un ensayo previo de *E. globulus*, secuenciamos grupos de 50 individuos que difieren notablemente en la aparición del follaje adulto. Dado que la base genética de la heteroblastia es bien conocida, primero buscamos identificar aquellos genes previamente asociados a este rasgo. En segundo lugar, buscamos nuevos genes potencialmente asociados, además de evaluar las variaciones del número de copias que pueden estar involucradas en este proceso. Nuestro trabajo demuestra la utilidad y las limitaciones del análisis XP-GWAS para explorar la base genética de los *Eucalyptus*. Encontramos dos SNP marginalmente significativos cercanos a microRNAs asociados al rasgo e identificamos catorce genes candidatos. En particular, se reportan dos ARN no codificantes, cuatro genes de resistencia a enfermedades posiblemente asociados, y se reveló una posible interacción entre la heteroblastia y la respuesta de defensa.

Palabras clave: *Eucalyptus*, XP-GWAS, genómica, heteroblastia, microRNAs