

ESPACIO DE VINCULACIÓN ESTUDIANTIL

STUDENT
NETWORKING
SPACE

ESPACIO DE VINCULACIÓN ESTUDIANTIL

Barrandeguy M.E.^{1,2}, A. Buminsky³.¹CONICET, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ³Asociación Misionera de Estudiantes de Genética (AMEG), Misiones, Argentina. ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

El espacio Joven de Vinculación Estudiantil surge de la demanda de los estudiantes de la Licenciatura en Genética de la Universidad Nacional de Misiones para encontrar un ámbito de intercambio entre sus pares y a los efectos de dar conocer las líneas de investigación de los trabajos finales de graduación. Este espacio facilita la participación de los estudiantes próximos a recibirse de Licenciados/as en Genética al máximo evento científico nacional vinculado con la disciplina de su formación académica-profesional en el marco de la Sociedad Argentina de Genética que los nucleará a futuro. En la presente edición se presentan cuatro trabajos de estudiantes de la Licenciatura en Genética relacionados con las especialidades de Genética Evolutiva, Genética Médica y Genética de la Producción. Este espacio dedicado a los estudiantes resulta valioso tanto para ellos como para los profesionales asistentes al congreso, esperando sentar un precedente para que pase a formar parte de los programas de actividades de los congresos venideros.

DETECCIÓN Y DISTRIBUCIÓN DE VIRUS EN MANDIOCA (*Manihot esculenta*) EN LA PRINCIPAL REGIÓN PRODUCTORA DE ARGENTINA

Arnt Y.M.¹, A. Badaracco^{2,3}, V. Nahirñak^{2,3}.¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ²Estación Experimental Agropecuaria Montecarlo (EEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Misiones, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. yeniarn05@gmail.com

Misiones es la principal provincia productora de mandioca (*Manihot esculenta*) en Argentina. El cultivo se realiza mediante esquejes de tallo, método que favorece la transmisión de patógenos sistémicos, particularmente virus, comprometiendo el rendimiento y la calidad de la producción. Entre las enfermedades virales más relevantes se encuentra la “enfermedad de cuero de sapo” (CFSD) que genera síntomas severos en las raíces, y está vinculada a un complejo viral que incluye *Cassava frogskin-associated virus* (CsFSaV) y *Cassava torrado-like virus* (CsTLV), y fitoplasmas. Otras enfermedades de gran importancia que producen síntomas foliares son el “mosaico común de la mandioca” (CCMD), causado por *Cassava common mosaic virus* (CsCMV), y el “mosaico de las nervaduras de la mandioca” (CVMD), asociado a *Cassava vein mosaic virus* (CsVMV). Este trabajo se enfocó en evaluar la incidencia y prevalencia de infecciones virales en el cultivo de mandioca en Misiones, mediante análisis de muestras recolectadas aleatoriamente en cinco localidades (dos lotes en Andresito, Puerto Rico y Montecarlo, y un lote en San Vicente y Apóstoles). La detección se realizó por PCR o RT-PCR según el tipo de virus. Hasta la fecha, los resultados mostraron una incidencia del 100% para CsCMV y alrededor del 40% para CsFSaV, con una prevalencia del 100% para ambos. Para CsTLV y CsVMV no se han detectado plantas infectadas. Estos hallazgos evidencian la necesidad de implementar estrategias de manejo integrado y usar material de propagación libre de virus para mejorar la sanidad y productividad del cultivo.

DIVERSIDAD MITOCONDRIAL E INCONGRUENCIAS GENEALÓGICAS EN PECES CÍCLIDOS DE LA CUENCA DEL RÍO IGUAZÚ

Fabián L.N.¹, M.D. Santander¹, J.D. Baldo¹, F. Henning² ¹Laboratorio de Genética Evolutiva "J. Claudio Bidau", Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNaM, Misiones, Argentina; ²Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Brasil. lucasnfabian@gmail.com

El género neotropical *Crenicichla*, incluye al grupo monofilético *C. iguassuensis*, un caso de radiación adaptativa endémica del Río Iguazú con cuatro morfoespecies simpátricas de origen reciente (*C. iguassuensis*, *C. tesay*, *C. tapii* y *C. tuca*) adaptadas a diferentes nichos tróficos. Este trabajo busca describir la diversidad mitocondrial y analizar las relaciones filogenéticas dentro del grupo *C. iguassuensis*. Para ello, se realizó secuenciación genómica Pacbio HiFi de *C. tuca* (n=4), *C. iguassuensis* (n=11) y *C. cf. iguassuensis* (n=7) y se montaron, anotaron y curaron sus genomas mitocondriales (16.770 pb). La diversidad mitocondrial se caracterizó a partir de los genes *nd2* (812 pb) y *cytb* (698 pb) con estadísticos poblacionales, incluyendo poblaciones previamente estudiadas de las cuatro especies de diferentes afluentes del Río Iguazú. Los resultados reflejan alta diversidad genética mitocondrial en el grupo. Además, se construyeron redes de haplotipos con estos marcadores, que mostraron cuatro haplogrupos principales y haplotipos relacionados entre *C. tuca*, *C. tapii* y *C. iguassuensis*. Por último, se construyó un árbol filogenético de máxima verosimilitud, el cual recuperó clados previamente descritos que corresponden a las especies del grupo, con algunas incongruencias: las poblaciones de *C. iguassuensis* y *C. cf. iguassuensis* del Río Guaraní resultaron polifiléticas. Estos hallazgos sugieren una historia evolutiva compleja del grupo, con posibles eventos de introgresión y destacan la necesidad de integrar evidencia nuclear para entender mejor sus relaciones filogenéticas.

DETERMINACIÓN DE LOS FACTORES PATOGENICOS INVOLUCRADOS EN LA INFECCIÓN POR *Helicobacter pylori* Y SU RELACIÓN CON LA ESTEATOSIS HEPÁTICA

Czajkowski A.K.M.¹, F.J. Barreyro^{1,2,3}. ¹Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reza", Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ²Hospital Escuela de Agudos "Dr Ramón Madariaga", Posadas, Misiones, Argentina; ³Sanatorio Integral IOT, Posadas, Misiones, Argentina. kiaraczajkowski@gmail.com

Helicobacter pylori es una bacteria Gram negativa con prevalencia del 50% en países en desarrollo. Su colonización inicia en la mucosa gástrica y su patogenicidad está asociada a la citotoxina codificada por el gen *cagA*, que induce la liberación de citoquinas proinflamatorias, y la citotoxina vacuolante codificada por *vacA*, encargada de la formación de vacuolas intracelulares. *vacA* presenta polimorfismos en dos regiones: *s1-s2* y *m1-m2*, cuyas combinaciones determinan el grado de citotoxicidad. La enfermedad del hígado graso no alcohólico (EHGNA) comprende un espectro de enfermedades desde la esteatosis hepática simple hasta la esteatohepatitis, generando fibrosis y daño hepático crónico. El objetivo del estudio fue evaluar la prevalencia de los factores patogénicos de *H. pylori* y establecer su correlación con la esteatosis hepática. Se analizaron 448 biopsias gástricas de pacientes del noreste argentino. La genotipificación se realizó mediante PCR amplificando los genes *vacA* y *cagA*. La presencia de esteatosis y daño hepático fueron evaluados mediante elastografía hepática (Fibroscan) y marcadores bioquímicos. El 47% fueron positivas para *H. pylori*, y el 56,5% presentó esteatosis. El 30,3% presentó esteatosis sin *H. pylori*. Se genotipificaron 177 muestras, las cepas más representadas entre los pacientes con esteatosis fueron: *vacA s1/m1* 26,5% y *vacA s1/m2* 11%. El daño hepático fue mayor en aquellas cepas *cagA+*. Estos resultados concuerdan con estudios a nivel mundial y podrían evidenciar una asociación significativa entre la infección por *H. pylori* y la presencia de esteatosis hepática.

DETERMINACIÓN DEL POLIMORFISMO DEL GEN *PNPLA3* EN PACIENTES CON DIABETES TIPO 2 Y ENFERMEDAD DE HÍGADO GRASO NO ALCOHÓLICO

Maidana E.G.¹, F.J. Barreyro^{1,2,3}. ¹Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca", Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ²Hospital Escuela de Agudos "Dr. Ramón Madariaga", Misiones, Argentina; ³Sanatorio Integral IOT, Posadas, Misiones, Argentina. enzogabrielm@gmail.com

La esteatosis hepática asociada a disfunción metabólica (MASLD-MASH) afecta a uno de cada cuatro adultos. En personas con diabetes tipo 2 (DM2) las prevalencias de MASLD y MASH alcanzan hasta el 70% y 35%, respectivamente. Diversos estudios sugieren que el polimorfismo rs738409 del gen *PNPLA3* aumentaría el riesgo de desarrollar esteatosis, daño hepático y fibrosis. El objetivo de este estudio fue evaluar la utilidad de este polimorfismo como marcador no invasivo de daño hepático en pacientes con DM2. Se realizó un estudio transversal en 204 sujetos con DM2. Se recolectaron datos clínicos, bioquímicos, ecográficos y elastográficos (Fibroscan), y el gen se genotipificó por PCR-RFLP. Se aplicaron pruebas estadísticas para estudiar la asociación entre genotipo y marcadores de daño hepático. Los primeros resultados mostraron una edad mediana de 56 años y una proporción de mujeres del 62%. El 81% de los sujetos presentó grasa hepática y el 33% fibrosis significativa (≥ 8 kPa). Las frecuencias genotípicas fueron: CC (32%), CG (47%) y GG (21%). No se observaron diferencias significativas en los grados de esteatosis según genotipo. Los portadores del alelo G presentaron niveles significativamente más elevados de transaminasas y Fibrosis-4 index (FIB-4), además de mayor rigidez hepática. La fibrosis significativa fue más prevalente en individuos homocigotas GG. En conclusión, el polimorfismo rs738409 del gen *PNPLA3* se asocia a marcadores bioquímicos y elastográficos de daño hepático y fibrosis en pacientes con DM2 apoyando su potencial como herramienta diagnóstica y pronóstica de MASH en esta población.

