

CONFERENCIAS

CONFERENCES

Conferencia «Francisco Salzano»

Asociación Latinoamericana de Genética

INSECTS VERSUS AGROCHEMICALS IN A WARMING WORLD: THE POWER OF GENETICS

Batterham P. School of BioSciences, Bio21 Institute, University of Melbourne, Victoria, Australia.

Global warming, accompanied by the growing prevalence of extreme weather events, creates the potential for massive biodiversity losses. Over 99% of all species are unable to regulate their internal temperature, imposing strict limits on the upper and lower temperature limits at which they can survive and reproduce. Insects fall into this category. Insects are vital for ecosystem health; they represent 75% of all described animal species. Thus, it is of grave concern that, around the world, terrestrial insect population sizes are in sharp decline. Global warming is almost certainly a significant contributor, as are other elements of human-induced environmental change. This talk will focus on the impact of very low doses of agrochemicals on insects at the molecular, physiological, cellular and organismal levels. It will outline better methods for evaluating the risks to insects imposed by these chemicals and consider other options for insect pest control.

Conferencia «Ewald A. Favret»

Sociedad Argentina de Genética

DIVERSIDAD GENÉTICA DE BACTERIAS ZONÓTICAS Y SU IMPACTO EN SALUD PÚBLICA Y VETERINARIA

Sanso A.M. Centro de Investigación Veterinaria de Tandil Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (CIVETAN, UNCPBA-CICPBA-CONICET), Tandil, Argentina. msanso@vet.unicen.edu.ar

Las bacterias zoonóticas representan una preocupación significativa en el contexto de Una Salud. Las producciones animales constituyen importantes reservorios y fuentes de exposición para diversos patógenos zoonóticos, los cuales pueden o no causar enfermedades en los animales y transmitirse a los seres humanos por contacto directo, el medio ambiente o el consumo de alimentos derivados contaminados. En este contexto, la resistencia antimicrobiana constituye uno de los principales desafíos asociados a las bacterias zoonóticas y una amenaza global para la salud pública. Estudios de genómica comparativa han demostrado que determinados linajes bacterianos y elementos de resistencia identificados en aislamientos humanos presentan una estrecha relación genética con los circulantes en animales de producción. Los métodos de subtipificación molecular y, particularmente, la secuenciación del genoma completo ha transformado el estudio epidemiológico de las bacterias zoonóticas, permitiendo caracterizar su estructura poblacional, identificar linajes de interés en salud pública y analizar la dinámica de transmisión. En esta presentación se analizarán ejemplos de patógenos bacterianos estudiados en diferentes sistemas productivos, mediante un enfoque integrado, para evaluar sus relaciones filogenéticas y su potencial de transmisión entre hospedadores. Los resultados muestran que, mientras algunos patógenos presentan una marcada adaptación al hospedador y, por lo tanto, un potencial de transmisión zoonótica limitado, otros exhiben una estrecha relación genética entre aislamientos de origen animal y humano, compatible con una circulación compartida. Estos datos destacan el valor de la genética integrada con datos epidemiológicos y microbiológicos para estudiar patógenos zoonóticos y contribuir a su vigilancia y prevención.

Conferencia Red Latinoamericana de Genética Humana (RELAGH)

UN SOLO GENOMA, UNA SOLA SALUD: BIOÉTICA EN LA ERA DE LA VIDA COMPARTIDA

García Ortiz J.E¹, Mampel A.². ¹ Centro de Investigación Biomédica de Occidente Guadalajara, México. Ex Presidente RELAGH, ² Universidad Nacional de Cuyo, Argentina. Presidente RELAGH. jose.elias.garcia@gmail.com, mampelalejandra@gmail.com

La presente conferencia explora la convergencia entre la bioética, la investigación genómica y el enfoque intersectorial de One Health. En primer lugar, analiza cómo los principios bioéticos tradicionales —autonomía, beneficencia, no maleficencia y justicia— orientan la genómica moderna tras hitos como el Proyecto Genoma Humano. Frente a tecnologías de edición como CRISPR-Cas9 y la gestión masiva de datos, emergen complejos dilemas sobre privacidad genética, consentimiento informado, discriminación laboral y ciberseguridad. En segundo lugar, aborda el paradigma One Health (Una Salud), el cual reconoce la interdependencia sistémica entre la salud humana, animal, ambiental y vegetal. Este marco resulta indispensable para atender amenazas globales como el salto de patógenos entre especies (spillover), la resistencia antimicrobiana y los impactos del cambio climático en los vectores de enfermedades. Finalmente, la intersección entre genómica y One Health mediante la secuenciación de patógenos y el ADN ambiental (ADNe) transforma la vigilancia epidemiológica generando tensiones éticas respecto a la soberanía de datos, el biocolonialismo en comunidades originarias y la acentuada brecha Norte-Sur en capacidad tecnológica. Para superar estas asimetrías, se promueve el consentimiento comunitario, concluyendo en la urgente necesidad de consolidar una gobernanza ética global, equitativa e integrada.

Conferencia SLACE

EVOLUÇÃO CROMOSSÔMICA EM PLANTAS NA ERA GENÔMICA

Pedrosa-Harand A.¹. ¹ Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brasil.

Os avanços nas metodologias de sequenciamento de DNA desde o início deste século têm possibilitado um crescimento exponencial na quantidade de genomas vegetais sequenciados. Os dados de baixa cobertura têm possibilitado desvendar a fração repetitiva dos genomas, fornecendo, por exemplo, novos marcadores citogenéticos para identificação cromossômica, caracterização da heterocromatina, além de permitir o estabelecimento de relações filogenéticas a partir de comparações da abundância e similaridade dessa ampla fração do genoma nuclear. Os processos envolvidos na evolução dessas sequências e seu impacto para a diversificação e adaptação das espécies agora têm sido investigados. Além disso, o sequenciamento de alta cobertura de longas leituras permite agora montar genomas vegetais em nível cromossômico mesmo para espécies não cultivadas. Regiões como os centrômeros, antes desconhecidas, agora revelam uma diversidade bem superior ao que era conhecido até então. Essas montagens a nível cromossômico também possibilitam desvendar os eventos de evolução cariotípica numa resolução sem precedentes. Enquanto muitos genomas de linhagens perenes permanecem conservados em estrutura por muitos milhões de anos, genomas de algumas herbáceas mostram reestruturação ampla em curto período evolutivo. Nossos estudos com grupos diversos, como as Leguminosae e as Cyperaceae, serão usados para exemplificar tais achados.

Conferencia

Asociación Latinoamericana de Citogenómica Humana (ALACIH)

DEL MICROSCOPIO AL GENOMA: EL RENACER ESTRATÉGICO DE LA CITOGÉNOMICA EN LATINOAMÉRICA

Paz-y-Miño C.¹ ¹ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad UTE, Quito, Ecuador.

La citogenética transformó la medicina al hacer visible la arquitectura cromosómica de la enfermedad. No fue desplazada por la secuenciación: fue absorbida por ella y renace como citogenómica, disciplina que articula el cariotipo, la hibridación in situ, los microarreglos, la secuenciación de nueva generación y el mapeo óptico del genoma. Setenta años de historia no son una fila de sustituciones sino una acumulación de escalas de observación sobre un mismo objeto material: el cromosoma. Ningún método identifica por sí solo toda la diversidad de alteraciones; la selección racional de pruebas parte de la pregunta clínica, el fenotipo y la calidad de la muestra. El argumento central es sobre las personas y no sobre los equipos. El citogenetista no opera una técnica antigua: lee la arquitectura del genoma en su nivel celular, decide qué escala responde a qué pregunta y verifica lo que el algoritmo informa. Esa competencia se forma en años de lectura de metafases, no se compra con una plataforma, y donde se pierde tarda una generación en rehacerse. El Norte ya la está perdiendo por jubilación y desincorporación: desocupa un lugar que nuestra región puede ocupar. Contra ese telón se recorta la desigualdad material: la mayoría de las muestras latinoamericanas se procesan fuera del país, y cada envío transfiere muestra, datos y capacidad interpretativa. Construir capacidades sostenibles, estándares compartidos, control de calidad, formación y redes de referencia, tarea que ALACIH puede articular, no es nostalgia técnica: es decidir que el diagnóstico se produzca aquí, sobre nuestras poblaciones y nuestros datos.

Conferencia invitada

GENETIC AND NON-GENETIC MECHANISMS UNDERLYING ACTIVE TAMENESS IN A MOUSE MODEL OF DOMESTICATION

Koide, T.¹ ¹ National Institute of Genetics (NIG), Japan.

Domestication has profoundly altered animal behaviour, with tameness being one of its defining traits. Tameness comprises two components: passive tameness (reduced avoidance of humans) and active tameness (motivation to approach humans). Comparing laboratory and wild mouse strains, we found that domesticated mice showed greater passive tameness but little difference in active tameness, suggesting that mouse domestication primarily selected for reduced avoidance. To investigate the biological basis of active tameness, we selectively bred genetically diverse wild-derived heterogeneous stock (WHS) mice. Active tameness increased progressively across generations, and genetic mapping identified a selection signature on chromosome 11. Selected mice also showed enhanced sociability, elevated blood oxytocin levels, play-like behaviours, and ultrasonic vocalisations during human interaction. Analysis of neuronal activation revealed that fear-related brain regions were activated in non-selected but not selected mice, suggesting reduced activation of fear-related neural circuits. Shotgun metagenomic analysis of faecal samples from 80 mice revealed an increased abundance of *Limosilactobacillus reuteri* in selected mice. Administration of an isolated *L. reuteri* strain to non-selected mice increased active tameness and circulating oxytocin levels. Together, these findings indicate that active tameness is associated with coordinated changes in host genetics, neural activity, and gut microbiota, highlighting the multifaceted biological basis of domestication-related behaviour.

Conferencia «Francisco Sáez»

Sociedad Argentina de Genética

CAÑA DE AZÚCAR: ESPECIE COMPLEJA, TANTO GENÉTICA COMO GENÓMICAMENTE, Y ESTRATÉGICA, TANTO PARA LA INDUSTRIA COMO PARA LA SANIDAD AMBIENTAL

Acevedo A.¹ ¹ Centro de Investigación de Recursos Naturales, INTA, Argentina.

La caña de azúcar es una gramínea perteneciente al género *Saccharum*. Su importancia económica reside en su uso para aplicaciones industriales tales como producción de azúcar, bioetanol y papel. Debido a su origen polifilético, hibridación interespecífica y reiteradas retrocruzamientos, el híbrido moderno de caña de azúcar porta un genoma complejo, caracterizado por una arquitectura alopoliploide-aneuploide (10–12 juegos de cromosomas), composición desbalanceada y extrema heterocigosidad. Esta convergencia de rasgos propicia anomalías en la división celular y variaciones en número cromosómico y contenido de ADN, entre otras características. En este escenario, el mejoramiento genético tradicional ha desarrollado cultivares élite de caña vía hibridación y retrocruzamiento, logrando avances en rendimiento y resistencia a enfermedades. Pero el acotado aumento de la productividad anual y el rendimiento mundial, por debajo del potencial de la especie, resumen las limitaciones del abordaje tradicional. Afortunadamente, la decodificación del genoma de caña de azúcar y divulgación del primer grafo pangenoma, más la aplicación integrada de tecnologías multi-ómicas, selección genómica, ingeniería genética y edición génica, han acelerado la obtención de cultivares y optimizado caracteres agronómicos esenciales, tales como acumulación de sacarosa, resistencia a herbicidas, enfermedades y estrés abiótico, entre otros. Finalmente, la caña de azúcar no es sólo un recurso estratégico a nivel industrial, también lo es a nivel ambiental, dada su profusa biomasa y alta eficiencia en la captura de CO₂ y liberación de oxígeno, bondades que la convierten en un aliado natural contra el cambio climático y una herramienta valiosa para la adaptación climática en regiones agrícolas.

Conferencia «Constancio Lázaro»

Sociedad Uruguaya de Genética

GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN EN MAMÍFEROS CARISMÁTICOS DE LATINOAMÉRICA

González S.¹ ¹ Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay.

La Genética de la Conservación estudia la diversidad genética, la estructura poblacional y la historia evolutiva de especies y poblaciones, aportando información esencial para orientar estrategias que mantengan su viabilidad, capacidad adaptativa y potencial evolutivo frente a los cambios ambientales. El objetivo de mi investigación ha sido caracterizar genéticamente especies de mamíferos carismáticos amenazados para evaluar el aislamiento y la conectividad, identificar unidades evolutivas y de manejo, así como establecer prioridades para su conservación. A través de diversos casos de estudio en cérvidos y cánidos neotropicales, mostraré cómo la integración de la morfología y las herramientas genéticas, junto con estrategias de muestreo no invasivo, han permitido obtener ADN a partir de carcasas, pelos, fecas, incluyendo a ejemplares depositados en colecciones de museos, así como de restos arqueológicos de miles de años de antigüedad. Estos estudios han permitido caracterizar genéticamente individuos, poblaciones y especies, así como reconstruir su historia evolutiva. El venado de campo (*Ozotoceros bezoarticus*) constituye un ejemplo paradigmático de cómo la genética puede transformar nuestro conocimiento sobre la historia evolutiva y la diferenciación de sus poblaciones, aportando evidencias fundamentales para su manejo y conservación. Finalmente, abordaré los desafíos actuales para incorporar la evidencia genética en políticas públicas y programas de conservación in situ y ex situ, reproducción asistida y conectividad del paisaje, destacando la necesidad de una conservación interdisciplinaria que integre ciencia, territorio y sociedad.

Conferencia «Danko Brncic»

Sociedad Chilena de Genética

DE LA GENÉTICA POBLACIONAL A LA AUTENTICIDAD DE LOS ALIMENTOS, UNA HISTORIA DE RATONES Y MEJILLONES

Araneda C.^{1,2}. ¹ Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, Santiago, Chile, ² Food Quality Research Center (FQRC), Universidad de Chile, Santiago, Chile.

La trayectoria científica a menudo sigue caminos intrincados, conectando preguntas teóricas con soluciones aplicadas. Esta conferencia realiza un recorrido retrospectivo que ilustra la versatilidad de los principios fundamentales de la genética. El viaje comienza en la cordillera de los Andes con la genética de poblaciones clásicas, etapa en la que estudié los cuellos de botella demográficos y la variabilidad genética en poblaciones silvestres de roedores subterráneos. Esos mismos cimientos teóricos me guiaron hacia la genética aplicada a la acuicultura y me llevaron a investigar la variación fenotípica y molecular del salmón coho. Con esta especie anádroma llegué al océano Pacífico. En esta etapa, comencé a desarrollar y aplicar herramientas moleculares para garantizar la trazabilidad y la autenticidad de los alimentos marinos y actualmente es mi línea de investigación principal. Nuestros estudios sobre los mejillones del género *Mytilus* muestran la genética como un instrumento para identificar especímenes y determinar el origen geográfico de los recursos. La genética básica, de la mano de la innovación, puede convertirse en una herramienta para proteger a los consumidores y resguardar la biodiversidad marina.
