

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

POPULATION
GENETICS AND
EVOLUTION

GPE 1

DIVERSIDAD GENÉTICA MITOCONDRIAL DE COLIBRÍES ENDÉMICOS DEL GÉNERO SAUCEROTTIA PRESENTES EN EL CAÑÓN DEL CHICAMOCHA, ENDÉMICOSELÉNERO

Rondón González F., Mojica Candela D.J.¹ Universidad Industrial de Santander, Colombia. ferongon@uis.edu.co

Saucerottia castaneiventris y *S. cyanifrons* se categorizan como especies Casi Amenazada y de Preocupación Menor según IUCN, respectivamente. Estudios no genéticos evidencian que *S. castaneiventris* tiende a reducir el tamaño poblacional, mientras que en *S. cyanifrons* se considera estable. Diferentes aspectos ecológicos se han estudiado en estas especies simpátricas del cañón del río Chicamocha (noriende de Colombia); sin embargo, se desconocen los relacionados con genética poblacional, especialmente aquellos que estimen el tamaño efectivo (N_e). Con el fin de contribuir al estudio de la diversidad y estructura genética y evaluar N_e , se secuenciaron los genes mitocondriales ATP6-8 y ND2 en 31 muestras de *S. castaneiventris* y 22 de *S. cyanifrons*, recolectadas en inmediaciones del cañón del río Chicamocha. En *S. castaneiventris* se identificó 15 haplotipos ($H_d=0,863\pm0,059$ y $p=0,00102\pm0,00015$), ausencia de estructura genética y pérdida de diversidad mitocondrial desde el Pleistoceno tardío con una señal débil de expansión. Igual número de haplotipos ($H_d=0,933\pm0,122$ y $p=0,00086\pm0,00015$), moderada diferenciación genética ($\Phi_{ST}=0,127$) y evidencia de expansión poblacional desde el Pleistoceno medio se detectó en *S. cyanifrons*. En estas especies N_e está en los límites recomendables para conservación a corto y largo plazo. Se concluye que *S. castaneiventris* presenta una sola población con N_e crítico, mientras que *S. cyanifrons* presenta moderada diferenciación soportada en reciente expansión poblacional. Acciones de conservación son requeridas en el cañón del río Chicamocha.

GPE 2

PRIMER GENOMA A NIVEL CROMOSÓMICO DEL GECKO DOMESTICO *HEMIDACTYLUS MABOUIA*, UNO DE LOS REPTILES MÁS INVASORES DEL MUNDO

Martínez Villar M.¹, Villamil J.¹, Tomasco I.², Guiorello F.³, Rodríguez N.⁴, Camargo A.¹ ¹ Centro Universitario Regional Noreste, sede Rivera, Uruguay, ² Facultad de Ciencias, Udelar, Uruguay, ³ Centro Universitario Regional Noreste, sede Tacuarembó, Udelar, Uruguay, ⁴ Centro Universitario Regional Litoral Norte, sede Salto, Uruguay. maurom92@gmail.com

El gecko *Hemidactylus mabouia* (Squamata, Gekkonidae) es de los reptiles más invasores. Nativo del África subsahariana, fue introducido en las islas del Atlántico, el Caribe y América, probablemente durante el siglo 17 con el tráfico de esclavos. Aunque su hábitat original fueron bosques tropicales, logró adaptarse exitosamente a ambientes antrópicos. De hábitos nocturnos, utiliza las luces de las viviendas como sitios de caza de insectos y pequeños vertebrados. Su éxito en estos ambientes podría explicarse por la alta agresividad de los machos, la elevada densidad poblacional y mayores tamaños en rasgos vinculados a la alimentación respecto a competidores nativos. Pese a representar una amenaza para la biodiversidad, hasta ahora no existía un genoma de referencia para la especie. Aquí reportamos el primer genoma a nivel cromosómico de *H. mabouia*, obtenido mediante secuenciación PacBio HiFi y datos Hi-C. El ensamblaje tuvo un tamaño total de 1,9 Gb, con scaffold N50 de 111,98 Mb y 99,5% de las secuencias ancladas a 21 cromosomas. La completitud evaluada con BUSCO fue de 98,3% para tetrápodos, 97,5% para saurópsidos y 99,1% para escamados. Se anotaron 21.658 genes usando como referencia el genoma de *Paroedura picta*. Además, se detectaron secuencias teloméricas en 19 de los 21 cromosomas y se ensambló el genoma mitocondrial completo con los 37 genes típicos de vertebrados. Estos resultados confirman la alta contigüidad y calidad del ensamblaje, constituyendo un recurso clave para estudios genómicos comparativos, filogeográficos y de evolución genómica en espec

GPE 3

ANÁLISIS GENÉTICO DEL ZORRO ANDINO EN ECUADOR Y SU RELACIÓN CON POBLACIONES SUDAMERICANAS

Pozo M.J.¹, Carrera A.C.¹, Monar P.², Herrera N.¹, Heredia S.², Torres M.L.¹. ¹ Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad San Francisco de Quito, Ecuador, ² Fundación Cónдор Andino, Ecuador. mpozo@usfq.edu.ec

El zorro andino (*Lycalopex culpaeus*), un depredador clave de los ecosistemas altoandinos, presenta una amplia distribución en Sudamérica; sin embargo, su estructura genética en Ecuador, que corresponde al límite norte de su distribución, es aún poco conocida. Este estudio tiene como objetivo caracterizar genéticamente individuos ecuatorianos y evaluar su relación con poblaciones sudamericanas mediante marcadores mitocondriales. Inicialmente, se analizaron muestras de tres individuos de Imbabura, Pichincha y Napo, amplificando las regiones COI y D-loop, seguidas de secuenciación Sanger. Las secuencias se compararon con datos de 52 individuos de Perú, Bolivia y Argentina previamente reportadas en la literatura. Los análisis filogenéticos y de haplotipos revelaron que las muestras ecuatorianas se agrupan dentro del linaje norte previamente descrito para la especie, formando un subclado cercano a poblaciones peruanas. Asimismo, se detectó variación genética local, incluyendo haplotipos exclusivos del país. Los resultados corroboran una marcada estructura poblacional y patrones consistentes con procesos de divergencia y aislamiento geográfico. Este trabajo constituye el primer reporte sobre la caracterización genética de esta especie en Ecuador y destaca la importancia de ampliar el muestreo para fortalecer las inferencias y contribuir al diseño de estrategias de conservación para este cánido andino.

GPE 4

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN MAÍCES NATIVOS ARGENTINOS

Dudzien T.L.¹, Freilij D.², Defacio R.³, Paniego N.⁴, Domínguez P.G.⁴, Lia V.V.¹. ¹ Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA, UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina, ² Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina, ³ Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, INTA, Pergamino, Buenos Aires, Argentina, ⁴ Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO, INTA-CONICET), Buenos Aires, Argentina. tdudzien@gmail.com

Argentina alberga cerca de 60 razas nativas de maíz. Estudios previos en el norte argentino revelaron la existencia de grupos genéticos diferenciados. Sin embargo, aún no se dispone de información equivalente para otras regiones del país. En este trabajo se analizaron datos de repositorios públicos correspondientes a 159 entradas de razas nativas de 16 provincias tipificadas por GBS (genotyping by sequencing). Los análisis de estructura poblacional mediante PCA, DAPC y STRUCTURE mostraron agrupación por tipo de endosperma y raza. Tanto DAPC como STRUCTURE identificaron 4 grupos genéticos con un alto solapamiento en la asignación de individuos entre ambos estudios. Los análisis continuaron con aquellos individuos con 80% de pertenencia a cada grupo según STRUCTURE. El desequilibrio de ligamiento mostró valores promedios de r^2 inferiores a 0,13. La distancia promedio para alcanzar $r^2=0,1$ fue $\sim 1,5$ Mb en dos grupos, mientras que los restantes mostraron valores >10 Mb y <1 kb. La estimación del tamaño poblacional efectivo presentó valores menores a 200 en 3 grupos y mayor a 3000 en un grupo. Los análisis de diversidad genética mostraron valores promedio similares entre grupos: diversidad nucleotídica $\sim 0,25$; heterocigosis observada $\sim 0,14$; heterocigosis esperada $\sim 0,32$ e índice de endogamia $\sim 0,55$. El F_{ST} de pares mostró valores entre 0,08 y 0,21. En conclusión, se identificaron cuatro grupos genéticos con diversidad intrapoblacional moderada, cuya constitución no se asocia con la región geográfica de origen de las entradas sino con su designación racial y tipo de endosperma.

GPE 5

ESTUDIO PRELIMINAR DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DEL MILPIÉS *IULIDESMUS* SP. (DIPLOPODA: PARADOXOSOMATIDAE)

Carbonell A.^{1,2}, Rojas-Buffet C.^{1,2}, Aisenberg A.², Bidegaray-Batista L.². ¹ Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UdelaR), Uruguay, ² Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Ministerio de Educación, Uruguay. acarbonell@fcien.edu.uy

La fragmentación del hábitat es un estresor de la crisis global de biodiversidad, afectando los rangos de distribución de las especies y generando cambios en su comportamiento, ecología y diversidad genética. Los milpiés son especialmente vulnerables a la fragmentación del hábitat debido a su baja vagilidad y alta especificidad de hábitat. *Iulidesmus* sp. es una especie abundante y con amplia distribución en Uruguay. El objetivo fue estudiar la diversidad genética de *Iulidesmus* sp. a lo largo de su distribución en Uruguay. Se tomaron ejemplares de la colección de la Facultad de Ciencias, se extrajo ADN, y se secuenció un fragmento del gen mitocondrial *cox1*. Se calcularon los índices de diversidad nucleotídica y haplotípica, y se generó una red de haplotipos. Se realizaron los test de neutralidad de F_s , D y R_2 . A partir de 16 secuencias de ejemplares distribuidos en 8 departamentos del país, se hallaron cinco haplotipos con diferencias de 1 a 4 pasos mutacionales y dos haplotipos frecuentes con individuos de diferentes localidades. No se observó una estructuración genética para la especie. La diversidad nucleotídica fue de 0,006 y la diversidad haplotípica fue de 0,7. Se obtuvieron valores positivos sin significancia estadística para los tests realizados. Estos resultados sugieren que *Iulidesmus* sp. mantiene una estabilidad demográfica a pesar de su baja vagilidad y la fragmentación de hábitat. Futuros estudios utilizarán datos genómicos del tipo SNPs para el estudio de la especie. Financiación: PEDECIBA, ANII POS_NAC_2024_1_182864 y Dr. Carlos Carbajal Campi, FAICE GENBIO.

GPE 6

SUSCEPTIBILIDAD GENÉTICA A LA INSULINA EN NIÑOS MAYAS SIN OBESIDAD

Peña Espinoza B.¹, Ortiz López G.², Torre-Horta E.³, Menjivar M.¹. ¹ Universidad Nacional Autónoma de México, México, ² Hospital Juárez de México, México, ³ Secretaría de Salud de Yucatán, México. bitzel@quimica.unam.mx

La resistencia a la insulina (RI) constituye una alteración metabólica temprana, vinculada al desarrollo de la diabetes tipo 2 (DT2) y al síndrome metabólico en México. En Yucatán, entidad con alta prevalencia de obesidad infantil y DT2, la población Maya presenta frecuencias elevadas de RI aun en ausencia de obesidad, lo que sugiere un componente genético relevante en su etiología. El objetivo de este estudio fue evaluar la asociación de variantes genéticas en IRS1 (rs4675095), GCKR (rs780094), KLF14 (rs972283), CDKN2A/2B (rs10965250), KCNQ1 (rs2237895), TCF7L2 (rs7903146) y ABCA1 (rs9282541) con RI y alteraciones glucémicas en niños Mayas. Se realizó un estudio transversal con 380 niños de 9 a 11 años sin obesidad. La RI se determinó mediante el índice HOMA-IR, considerando un punto de corte >3.5 . La genotipificación se efectuó mediante ensayos TaqMan por RT-PCR y el análisis de asociación mediante regresión logística ajustada por sexo, edad e índice de masa corporal. La frecuencia de RI fue de 33.8%. El análisis genotipo-fenotipo mostró asociación significativa de las variantes de ABCA1, TCF7L2 y CDKN2A/2B con concentraciones elevadas de glucosa ($P=0.005$), mientras que KLF14, KCNQ1, GCKR e IRS1 se asociaron con RI ($HOMA-IR > 3.8$; $P=0.005$). Los resultados evidencian que variantes genéticas relacionadas con el metabolismo de la glucosa y la señalización de la insulina contribuyen al desarrollo de RI en población infantil Maya, independientemente de la obesidad. (Apoyo UNAM-PAPIIT-IN213125).

GPE 7

ASOCIACIÓN DE LAS VARIANTES DE LOS GENES *VEGFA* Y *SLC16A11* CON RETINOPATÍA DIABÉTICA EN POBLACIÓN MAYA DE MÉXICO

Menjívar Iraheta M.A.¹, Xacúr F.¹, León-Espinosa D.¹, de la Fuente M.², Peña Espinoza B.I.¹. ¹ Universidad Nacional Autónoma de México, México, ² Hospital Regional de Alta Especialidad de la Península de Yucatán, IMSS Bienestar, México. menjivar@unam.mx

La diabetes tipo 2 (DT2) es un problema de salud pública en México. La retinopatía diabética (RD) es la principal causa de ceguera en adultos en edad productiva y su etiología involucra un componente genético. La población Maya constituye un grupo indígena con la mayor frecuencia de DT2 y un fondo genético único, por lo que es un grupo prioritario para el estudio de factores de riesgo asociados a RD. El objetivo de este trabajo fue identificar variantes genéticas asociadas al desarrollo de RD en población Maya de México. Se realizó un estudio transversal en 350 pacientes con DT2. Se les realizó caracterización clínica, somatométrica, bioquímica, nutricional y oftalmológica mediante fotografía de fondo de ojo. Permiso del Comité de Ética e Investigación del HRAEPY-2023-030. Las variantes rs2146323 y rs13342692 de los genes *VEGFA* y *SLC16A11* respectivamente, fueron analizadas por métodos moleculares. La frecuencia de RD fue de 56%, 43% de los participantes presentaron catarata y 11% edema macular. Se encontró asociación estadísticamente significativa entre las variantes *VEGFA* y *SLC16A11* y la RD ($P < 0.05$). Los resultados sugieren que estas variantes podrían contribuir a la susceptibilidad genética para el desarrollo de RD en población Maya del sureste mexicano. Estos hallazgos podrían contribuir al desarrollo de estrategias de medicina personalizada y prevención temprana de complicaciones microvasculares en pacientes con DT2. (Apoyo UNAM-PAPIIT-IN213125).

GPE 8

ANÁLISIS APROXIMATIVO DE LA DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE ANGIOSPERMAS DEL PARAGUAY

Ruíz Díaz Friesen C.R.¹, Matsumoto K.¹, Gómez R.¹, Ruíz Díaz A.¹, Gayozo E.¹. ¹ Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UNA, Paraguay. biorenerd@gmail.com

En Paraguay los patrones espaciales de distribución de diversidad filogenética de angiospermas permanecen poco estudiados. El objetivo del estudio actual fue analizar la diversidad filogenética de angiospermas del Paraguay mediante métricas filogenéticas y métodos bioinformáticos. La información de especies y su distribución se obtuvo de la base de datos de Flora del Cono Sur, los parámetros de diversidad filogenética (índice de Faith [PD], distancia media entre pares [DMP]) y la medición de efectos estandarizados (SES_PD, SES_DMP) fueron estimados del árbol filogenético propuesto por Smith y Brown (2018) generado con secuencias de los genes *rbcl*, *matK*, *atpB* e ITS. Los resultados evidenciaron a los departamentos Paraguari, Amambay y Cordillera con mayor número de linajes y especies, pero con un patrón de agrupamiento filogenético. Los departamentos Canindeyú y Caazapá presentan una sobredispersión filogenética local, sin embargo, el departamento de Boquerón presenta una menor riqueza de especies junto con una homogeneidad filogenética. Estos hallazgos sugieren un filtrado ambiental reflejado por agrupamiento filogenético generalizado, la Región Oriental presenta mayor heterogeneidad estructural con una sobredispersión en algunos departamentos, el Chaco exhibe comunidades más restringidas y homogéneas, probablemente debido a condiciones ambientales más severas. Estos resultados constituyen una aproximación inicial a la diversidad filogenética de angiospermas en el Paraguay, aportando información relevante para estudios biogeográficos evolutivos y conservación de la flora.

GPE 9

HUELLAS DE SELECCIÓN Y DIFERENCIACIÓN GENÓMICA EN MAÍCES NATIVOS DE ARGENTINA

Freilij, D.¹, Defacio R.A.², Vera P.¹, Puebla A.F.¹, Paniego N.B.¹, Domínguez P.G.¹, Lia V.V.³. ¹ Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO, INTA-CONICET), Buenos Aires, Argentina, ² Estación Experimental Agropecuaria INTA Pergamino, Pergamino, Buenos Aires, Argentina, ³ Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA, UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina. damianfreilij@gmail.com

El cultivo de maíz alcanza su límite austral a escala global en Argentina, con alrededor de 60 variedades nativas distribuidas en dos centros de diversidad: el andino (NOA) y la selva paranaense (NEA). Estos grupos presentan una marcada estructura geográfica, y presunta adaptación a diversas condiciones ambientales y usos tradicionales. Sin embargo, las bases genéticas de esta adaptación permanecen poco exploradas. En este trabajo se caracterizaron 18 poblaciones (9 NOA, 9 NEA) mediante ddRAD-Seq por pools (50 individuos/población). Tras el mapeo, control de calidad y filtrado, se obtuvieron 7371 SNPs independientes. La estructura poblacional, evaluada mediante PCA y FST de pares, reveló tres grupos genéticos: uno con siete poblaciones de altura del NOA, otro con seis poblaciones harinosas del NEA, y un tercero con dos poblaciones de baja altitud del NOA y tres del NEA. Las variantes halladas se anotaron con SnpEff y se empleó el software BayPass para detectar loci bajo selección. La función génica de los outliers se analizó con MaizeGDB y se realizó un análisis de enriquecimiento (ORA), complementado con redes de interacción proteica (STRING). Los resultados permitieron identificar clústeres génicos con señales de selección y redes de interacción proteica en genes previamente asociados a rasgos de arquitectura y desarrollo de la planta, fenología y características radicales, así como a resistencia a enfermedades. Estos hallazgos contribuyen a comprender la variación adaptativa de los maíces argentinos y aportan información relevante para su utilización y conservación.

GPE 10

CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE UNA MUESTRA DE LA POBLACIÓN INDÍGENA EMBERÁ CHAMÍ EN ANTIOQUIA, COLOMBIA

Hernández Villegas D.E.¹, Mejía García A.², Caro Gómez M.A.¹, Tejada Moreno J.A.¹, Rosique Gracia J.¹, García Pineda A.F.¹, Rojas Montoya W.¹. ¹ Universidad de Antioquia, Colombia, ² McGill University, Canadá. daniela.hernandezv@udea.edu.co

La subrepresentación de poblaciones indígenas en estudios de secuenciación de genoma completo (WGS) limita la interpretación de variantes genéticas y dificulta la medicina de precisión en Latinoamérica. Para disminuir esta brecha, analizamos una cohorte de 20 individuos de la población indígena Emberá Chamí mediante WGS, priorizando variantes exónicas no sinónimas con CADD >20 y REVEL >0,5, variantes de tipo codón de parada prematuro, pérdida de codón de parada y cambio de marco de lectura. Adicionalmente, seleccionamos variantes con una frecuencia =0,5 en nuestra cohorte y con baja frecuencia (o ausentes) en las poblaciones de GnomAD (variantes enriquecidas en nuestra población). Con este enfoque, identificamos 1.304 variantes, 116 de ellas previamente reportadas en ClinVar: 12 patogénicas/probablemente patogénicas, 37 con clasificaciones conflictivas y 67 de significado incierto. Además, 99 variantes fueron raras o no reportadas en gnomAD, principalmente no sinónimas (n=90), asociadas a genes relacionados con metabolismo, inmunidad y desarrollo. Estos resultados sugieren que el perfil genómico Emberá Chamí, posiblemente moldeado por deriva genética y eventos demográficos como cuellos de botella, contiene variantes privadas y clínicamente anotadas, pero poco representadas en catálogos globales. Este trabajo aporta una línea base para futuras investigaciones genómicas en poblaciones indígenas y resalta la necesidad de incluirlas en estrategias de medicina de precisión más equitativas y contextualizadas.

GPE 11

DISPERSIÓN ALÉLICA Y RELACIONES DE PARENTESCO EN POBLACIONES DE *PARAPIPTADENIA RIGIDA* (LEGUMINOSAE), UNA ESPECIE FORESTAL NATIVA DEL BOSQUE ATLÁNTICO

Goncalves A.L.¹, Barrandeguy M.E.¹, Navarro M.¹, García M.V.¹. ¹ FCEQyN, UnaM, Instituto de Biología Subtropical (UNaM-CONICET), Misiones, Argentina. alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

Parapiptadenia rigida (Benth.) Brenan es una especie arbórea característica del estrato superior de la Selva Misionera, una de las mayores áreas remanentes del Bosque Atlántico. En el presente trabajo se determinó el rol de la dispersión alélica sobre los niveles de parentesco en poblaciones naturales de *P. rigida* en Misiones. Para ello, se genotipificaron 36 individuos provenientes de cuatro poblaciones naturales mediante cuatro loci microsatélites nucleares específicos. Se caracterizó la diversidad genética mediante la estimación del número promedio de alelos por locus, la riqueza alélica y la heterocigosis observada y esperada. Se estimaron coeficientes de endogamia, de parentesco de a pares Fij y el estadístico de estructura genética espacial Sp. Se detectó elevada diversidad genética que podría deberse, en parte, al sistema de fecundación de la especie, su longevidad y amplia distribución, en tanto que la endogamia detectada en dos de las cuatro poblaciones (FIS = 0,18 y 0,48) sería consecuencia de fecundación cruzada entre individuos emparentados próximos en el espacio, dado que habitan áreas con alta densidad poblacional. Las bajas tasas de dispersión alélica, como consecuencia de la dispersión de polen mediada por abejas pequeñas, con cortas distancias de vuelo, aumentan la estructura genética espacial a escala fina (Sp = $1,5 \times 10^{-3}$) caracterizada por elevados niveles de parentesco en el primer intervalo de distancias (F1 = 0,123 y 0,129), aumentando a su vez la probabilidad de que los alelos dispersados vía polen sean idénticos por descendencia.

GPE 12

INFERENCIA DE ANCESTRÍA GENÉTICA A PARTIR DEL MODELO DE LENGUAJE HYENADNA

Fariello M.I.¹, Lecumberry F.², Cameto G.². ¹ Facultad de Ingeniería, Universidad ORT Uruguay, ² Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Uruguay. fariello@ort.edu.uy

La inferencia de ancestría local (LAI) consiste en determinar el origen de poblaciones definidas como ancestrales localmente; es decir, un mismo genoma puede tener segmentos con ancestrías diferentes. Conocer las diferentes ancestrías y su localización tiene impacto en la salud, ya sea a nivel de prevención o prevalencia de enfermedades, así como en la efectividad de medicamentos. Actualmente, uno de los métodos más utilizados es Gnomix, que define ventanas fijas del genoma y entrena un modelo diferente para cada ventana; por lo tanto, la complejidad del modelo crece con la cantidad de SNPs a abordar al mismo tiempo y con la densidad de los SNPs muestreados, con complejidad subcuadrática, pero con tendencia al sobreajuste. Los modelos de lenguaje, basados en Transformers, han demostrado capacidad para modelar secuencias biológicas, pero su complejidad cuadrática en la longitud de secuencia limita su aplicación a genomas completos. HyenaDNA es un modelo genómico preentrenado para diferenciar especies, a partir de sus secuencias, que utiliza convoluciones implícitas para procesar secuencias de hasta 1 millón de nucleótidos con complejidad $O(N \log N)$, permitiendo capturar dependencias de largo alcance de forma eficiente. En este trabajo se presenta una modificación del modelo original de HyenaDNA para adaptarlo a LAI. El modelo fue entrenado a partir de poblaciones asiáticas, europeas y africanas alcanzando más de 99% de exactitud, mayor que la del modelo preentrenado de Gnomix para la misma tarea y de Transformers, ganando además en eficiencia de cómputo.

GPE 13

DIVERSIDAD GENÉTICA A PARTIR DE 23 STR DEL CROMOSOMA Y DE UNA POBLACIÓN MESTIZA DEL DEPARTAMENTO DE SANTANDER (COLOMBIA)

Castillo Pico A.¹, Mantilla Mora G.¹, Vargas Castellanos C.¹. ¹ Universidad Industrial de Santander (UIS), Colombia. castillo@uis.edu.co

Los marcadores genéticos ubicados en el cromosoma Y son de gran utilidad para resolver casos forenses complejos, como agresiones sexuales donde se detectan perfiles mezcla víctima-agresor usando marcadores autosómicos. Sin embargo, su uso es muy limitado al no conocerse las frecuencias haplotípicas en varias poblaciones colombianas. Adicionalmente, Colombia posee un alto porcentaje de mezcla de ascendencias nativa, europea y africana cuya proporción varía en las regiones del país, haciendo necesario establecer la diversidad genética del cromosoma Y en cada departamento. El objetivo de este estudio fue determinar la composición y diversidad genética de los haplotipos del cromosoma Y en una muestra de individuos nacidos en el departamento de Santander, ubicado al noreste del país. Se genotiparon 200 individuos no relacionados para 23 marcadores STRs del Y usando PowerPlex® Y23 system de Promega, siguiendo las instrucciones de la casa comercial. Los resultados se analizaron con el software Arlequín v3.5.2.2 para determinar las frecuencias haplotípicas y la diversidad haplotípica. Se hallaron 195 haplotipos, de ellos 190 fueron únicos. Se calcularon las frecuencias haplotípicas y se encontró una diversidad haplotípica elevada (0.9997 ± 0.015) siendo el STR DYS481 el más polimórfico con 12 alelos. El poder de discriminación fue alto (0.950). Estos resultados permiten establecer que los haplotipos del cromosoma Y pueden ser utilizados para crear una base de datos de la población del noreste de Colombia para usarla al resolver casos forenses complejos.

GPE 14

EFFECTO COMBINADO DE LA TEMPERATURA Y DEL INSECTICIDA IMIDACLOPRID SOBRE LA ACTIVIDAD DE ENZIMAS DETOXIFICANTES EN EL ÁFIDO *SITOBION AVENAE* (F.)

Castro-Becerra M.¹, Fuentes-Contreras E.², Troncoso Aravena M.¹, Figueroa C.C.³. ¹ Programa de Doctorado en Ciencias, Universidad de Talca, Chile, ² Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Chile, ³ Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Chile. manuel.castro@utalca.cl

El áfido del grano, *Sitobion avenae* (Hemiptera: Aphididae), es una plaga cosmopolita de cereales. El éxito de esta plaga en áreas templadas se debería a su reproducción partenogenética, lo que genera poblaciones dominadas por pocos genotipos persistentes en el tiempo (superclones). En Chile, *S. avenae* es principalmente controlado por avispas parasitoides; sin embargo, el aumento sostenido de las temperaturas ha comenzado a afectar la eficacia del control biológico, alterando la dinámica entre plaga y enemigo natural. El aumento térmico también puede reducir la eficacia de los insecticidas, por degradación de sus ingredientes activos o mayor actividad metabólica de los áfidos. En este estudio evaluamos el efecto de la temperatura y del insecticida imidacloprid (LC30) sobre la actividad de las enzimas detoxificantes (GST, CbE y P450) en tres genotipos contrastantes de *S. avenae* (Sa2, Sa3 y E16). Los resultados evidenciaron diferencias entre los superclones (Sa2 y Sa3) y el genotipo menos frecuente (E16) en la respuesta detoxificadora. CbE mostró una interacción genotipo×tratamiento ($p < 0,5$). No se detectaron diferencias significativas en la actividad enzimática entre las temperaturas evaluadas. Estos resultados indican que las diferencias genotípicas podrían explicar las respuestas diferenciales en *S. avenae*, con implicancias para su manejo bajo escenarios ambientales cambiantes. Financiado por proyecto FONDECYT 1251143.

GPE 15

DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES INVASORAS Y NATIVAS DE *SITOBION AVENAE*, Y FRECUENCIA Y DISTRIBUCIÓN DE SUS ENDOSIMBIOTES BACTERIANOS SECUNDARIOS.

Sepúlveda Sanhueza D.A.¹, Correa M.C.G.², Figueroa Caro A.C.³. ¹ Universidad de Talca, Chile), ² Universidad Católica del Maule, Chile, ³ Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Chile. dani.sepulveda.14@gmail.com

Comprender los factores implicados en el éxito de las invasiones de plagas agrícolas es fundamental para la seguridad alimentaria. *Sitobion avenae*, es originario de Eurasia y fue introducido en Chile durante la década de los 60's. Los endosimbiontes secundarios (SE) son bacterias facultativas que pueden conferir diversas ventajas al desempeño del pulgón. Se ha propuesto que los SE desempeñan un papel durante el proceso de invasión, ya que podrían proporcionar una fuente adicional de plasticidad fenotípica. Dada la importancia de estudiar cómo las fuerzas selectivas y el efecto fundador podrían afectar a poblaciones introducidas, estudiamos la diversidad genética y la composición de SE de *Sitobion avenae* en Chile (rango introducido) y en Francia (rango nativo), buscando asociaciones específicas que expliquen su invasividad. Mediante marcadores microsatélites, se evaluó la diversidad genética mediante distintos índices, tales como el número de genotipos dividido por el total de individuos (G/N), encontramos una diversidad mayor en las poblaciones francesas (729 individuos) (G/N= 0,344) comparado a las chilenas (420 individuos) (G/N= 0,138), ésta última compuesta por solo seis genotipos multilocus (MLGs) que representan más del 70% de la diversidad genética total. La diversidad de SE fue similar en el rango nativo e introducido; no se detectaron signos de diferenciación geográfica en ninguno de los países. Discutimos cómo la asexualidad y la selección clonal pueden favorecer diferencias en la frecuencia de ciertos MLGs y SE entre el rango introducido y el nativo. Financiado por Fondecyt 1251143 y 1170943 a CC Figueroa y Fondecyt 3240368 a DA Sepúlveda.

GPE 16

VALOR DEL BOSQUE NATIVO MISIONERO COMO RESERVORIO DE DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA YERBA MATE (*ILEX PARAGUARIENSIS*)

Yías P.¹, Gauchat M.E.², Schoffer V.C.³, Gottlieb A.M.⁴. ¹ Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina, ² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Montecarlo, Misiones, Argentina, ³ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Cerro Azul, Misiones, Argentina, ⁴ Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), UBA-CONICET, Argentina. pyias@ege.fcen.uba.ar

La caracterización genética de germoplasma silvestre de yerba mate es fundamental ya que involucra un acervo genético y adaptaciones locales inexploradas. Para ello, se caracterizaron 12 poblaciones (148 plantas) de un remanente de bosque nativo Misionero, con nueve loci microsatélite nucleares y cinco cloroplastidiales, determinando el tamaño alélico por análisis de fragmentos. Las matrices se analizaron con GenAlEx, realizando análisis de estructura DAPC, AMOVAs y evaluando aislamiento por distancia (IBD). Se contabilizaron 48 alelos (5,3 alelos/locus) y se identificaron 9 grupos genéticos. Solo el 6% de la variación genética reside entre las poblaciones con un IBD débil pero significativo ($r=0,078$; $p=0,007$). Se detectó alta diversidad genética ($e=0,568$; 5,3 alelos/locus; 10 alelos privados) y una diferenciación baja pero significativa ($F_{ST}=0,037$; $IC=0,017-0,057$). Las cohortes (107 adultos y 41 juveniles) no mostraron diferencias significativas en los índices de diversidad, observándose déficit de heterocigotos y baja diferenciación ($F_{ST}=0,013$; $IC=0,005-0,022$). Solo el 1% de la variabilidad se debe a diferencias entre cohortes. Con 5 loci cpSSR se detectaron 13 alelos (2,6 alelos/locus), $N_e=1,28$, 2 alelos privados y el índice de diversidad fue de 0,175. Se detectaron 15 haplotipos multilocus y el índice de diversidad haplotípica fue de 0,547. Comparando con datos previos, estos resultados revelan que el germoplasma silvestre de Misiones es genéticamente similar al del centro de distribución de la especie y más heterogéneo que el de Uruguay. Esto subraya el valor del área de estudio, y la relevancia de conservar los bosques nativos y su biodiversidad para orientar un manejo sostenible

GPE 17

¿QUÉ PASA EN EL PALMAR? DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE *BUTIA ODORATA* (FAMILIA ARECACEAE)

Juni F.¹, Mercedes Rivas M.¹, del Puerto L.¹, Feijoo M.¹Departamento de Sistemas Agrarios y Paisajes Culturales, CURE, UdelaR, Rocha, Uruguay. fatiju29@gmail.com

Los palmares de *Butia odorata* poseen un destacado valor paisajístico y cultural, sin embargo, aún existen aspectos poco estudiados importantes para su conservación. El objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad genética de *B. odorata* a escala genómica. Se colectaron hojas en 8 sitios del este de Uruguay y sur de Brasil. El ADN genómico fue procesado mediante tecnología de DarTseq en el CIMMYT (Centro Internacional para el Mejoramiento de Maíz y Trigo). Luego del filtrado de calidad se obtuvieron 5.125 SNPs para 235 individuos. Los análisis de diversidad genética mostraron una heterocigosidad observada (H_o) promedio de 6,5% (4–12%) y un índice de endogamia (F_{is}) de 11% (7–17%). La distribución de la variancia molecular (AMOVA) indicó que el 73% ($p < 0,01$) de la variación genética se distribuye dentro de las poblaciones y el 19% ($p < 0,01$) entre poblaciones. En cuanto a la diferenciación genética de las poblaciones, los resultados de componentes principales (PCA), STRUCTURE y sNMF identificaron cuatro unidades genéticas. Los índices de fijación pareados (F_{st}) revelaron una diferenciación genética significativa entre poblaciones, con un promedio de 0,27 ($p < 0,01$). En conjunto, los resultados evidencian una diversidad genética moderada, déficit de heterocigotas y una estructura poblacional significativa, aportando una línea de base para el diseño de estrategias de conservación y manejo sostenible de *B. odorata* frente a la reducción poblacional, la escasa regeneración, la fragmentación geográfica y las nuevas amenazas biológicas.

GPE 18

IDENTIFICACIÓN DE SNPS Y CARACTERIZACIÓN POBLACIONAL EN LA MOSCA SUDAMERICANA DE LA FRUTA, *ANASTREPHA FRATERCULUS* SP. 1, MEDIANTE SECUENCIACIÓN DDRADSEQ

Lanzavecchia S.B.¹, Freilij D.², Vera P.A.², Milla F.H.¹, Conte C.A.¹, Puebla A.F.², Segura D.F.¹, Lia V.V.³, Scannapieco A.C.¹, Soria M.C.¹. ¹ Instituto de Genética (IG), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina, ² Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Buenos Aires, Argentina ³ Instituto de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CONICET, Buenos Aires, Argentina. lanzavecchia.silvia@inta.gob.ar

La mosca sudamericana de la fruta, *Anastrepha fraterculus*, constituye un complejo de especies distribuido en América con gran impacto económico y fitosanitario. En Argentina, el único morfotipo presente es *A. fraterculus* sp. 1, con información genómica aún limitada. En este trabajo se utilizó secuenciación ddRADseq para identificar polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) y analizar la variabilidad genética en poblaciones silvestres y colonias de laboratorio. Se extrajo ADN genómico de cinco poblaciones naturales (CABA, Posadas, Bella Vista, Horco Molle y Concordia) y tres colonias de laboratorio (AFX1Y5W2, BP e IGEAF). Para cada población se generaron pools de ADN (30 individuos/pool, excepto BP con 28 individuos) y bibliotecas ddRADseq, secuenciadas en plataforma Illumina y alineadas contra el genoma de referencia de la hembra de *A. fraterculus* sp. 1. Se identificaron 415.068 SNPs de alta confianza y un panel filtrado de 23.428 SNPs para análisis poblacionales. Los mapas de densidad revelaron una distribución heterogénea de variantes, con menor variación en el cromosoma X. El análisis poblacional evidenció diferenciación global ($F_{ST} = 0,21$) y valores pareados entre 0,05 y >0,40. El 37% de la variación genética observada se explicó por diferencias entre poblaciones silvestres y de laboratorio (AMOVA; $\sigma^2 = 6901,6$; $p = 0,005$). Estos resultados aportan herramientas genómicas para estudios poblacionales y programas basados en la Técnica del Insecto Estéril.

GPE 19

FRECUENCIA DE VARIANTES GENÓMICAS ASOCIADAS A ENFERMEDADES GENÉTICAS EN LA POBLACIÓN URUGUAYA Y SU RELACIÓN CON LA ANCESTRÍA

Sosa L.¹, Simoes C.², Brandes M.¹, Dominguez F.², Cabrera M.², Corvo I.², Naya H.², Fariello M.I.³, Spangenberg L.². ¹ Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay, ² Facultad de Medicina, Udelar, Uruguay, ³ Facultad de Ingeniería, Universidad ORT, Uruguay. mlucia.sosal@gmail.com

Uruguay es una población con ancestría mixta cuya caracterización genómica es reciente. Aunque se conocen aspectos de su estructura poblacional y herencia indígena, el impacto del mestizaje en el riesgo genético sigue inexplorado. El objetivo fue evaluar la frecuencia de variantes asociadas a cáncer de mama, una enfermedad con prevalencia diferencial entre poblaciones, considerando la ancestría mixta de Uruguay, e investigar el efecto del mestizaje en la estimación de puntajes de riesgo poligénico (PRS) mediante métodos que incorporan información de ancestría. Se analizaron datos propios de secuenciación de genoma completo de baja cobertura de 941 individuos, generados mediante un proyecto financiado por Inter-Pasteurian Concerted Actions (ACIP). Los individuos fueron seleccionados de los 19 departamentos con representación proporcional a su población. Tras la imputación genotípica con un panel de referencia poblacional, se estimaron las frecuencias alélicas de variantes asociadas a cáncer de mama. Los PRS se calcularon utilizando conjuntos de variantes del PGS Catalog, desarrollados en poblaciones con más del 90% de ancestría europea, incorporando inferencia de ancestría global y local. Los análisis revelaron una estructura genética mixta: 74% europea, 14% indígena y 9% africana, consistente con los patrones históricos de asentamiento. Las evaluaciones preliminares de PRS mostraron inestabilidad, posiblemente vinculada a la presencia de variantes relevantes en segmentos de ancestría no europea. Actualmente se trabaja en métodos de ajuste de PRS que incorporan ancestría local. Los resultados resaltan la necesidad de recursos genómicos sensibles a la ancestría para una interpretación más precisa del riesgo genético en poblaciones con mestizaje.

GPE 20

CYTB-BASED GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF PUMA CONCOLOR POPULATIONS IN THE PARAGUAYAN CHACO: A NON-INVASIVE APPROACH

Mena Canata D.A.¹, Gayozo E.¹, Barrios J.¹, Weiler A.^{1,2}, Zaldivar B.^{1,2}, Chávez K.^{1,2}, Valiente E.^{1,2}, Rivarola C.^{1,2}, Ramos Y.^{1,2}, Villalba L.³, Wultsch C.⁴. ¹ Faculty of Exact and Natural Sciences, National University of Asuncion, Paraguay, ² Biodiversity Research Center, Paraguay, ³ Wildlife Conservation Society, Paraguay, ⁴ University of New York, American Museum of Natural History, Estados Unidos. menacanatadiego@gmail.com

Puma concolor is a key apex predator in the Gran Chaco, where populations face escalating threats from habitat fragmentation due to agricultural expansion, intensifying human-wildlife conflicts. Due to insufficient information and deficiency of scientific records for monitoring genetic status amid human conflicts and loss of genetic variability, the objective was to analyze the genetic diversity of *P. concolor* from the Paraguayan Chaco using fecal DNA and cytochrome B (CytB, 146–150 bp), compared with neighboring countries. In total, 162 samples were collected (May 2021–August 2024) in Alto Paraguay, including Defensores del Chaco National Park and adjacent ranches. Phylogenetic analysis confirmed all sequences belong to the Puma clade (bootstrap= 98%). Four haplotypes found in Paraguay ($H_d = 0.4023$; $\pi = 0.00362$) were lower than Argentina ($H_d = 0.671$; $\pi = 0.01252$) and Brazil ($H_d = 0.621$; $\pi = 0.01338$). Nine haplotypes detected, dominated by ancestral haplotype Hap1. Low differentiation ($F_{ST} = 0.055$) contrasted with Argentina ($F_{ST} = 0.437$) and Brazil ($F_{ST} = 0.288$). AMOVA attributed 67.41% of variation to within-population differences Bolivia vs. Argentina–Brazil. Spatial PCA indicated gene flow from Bolivia toward Paraguay. Mantel test showed a strong genetic-geographic correlation ($r = 0.832$; $R^2 = 0.692$ and $P = 0.17$). These results reveal genetic erosion and isolation, underscoring the need for conservation strategies: biological corridors, genetic monitoring, and connectivity restoration. Funding: This project (PINV 18–531) is co-funded by the Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología – CONACYT with resources from the Fondo para la Excelencia de la Educación e Investigación (FEEI).

GPE 21

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE TRIATOMINOS SILVESTRES DE INTERÉS SANITARIO EN URUGUAY

Sansoni-Ruidíaz B.¹, Ríos N.¹, Díaz M.J.², Cabrera A.³, Durán F.¹, Tomasina R.³, Díaz M.³, Clavijo-Baquet S.¹, Clavijo C.⁴, Basmadján Y.¹, Parodi-Talice A.¹, Pita S.¹ ¹ Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay, ² Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay, ³ Facultad de Medicina, Universidad de la República, Uruguay, ⁴ Vida Silvestre, Uruguay. bsansoni@fcien.edu.uy

La enfermedad de Chagas es una zoonosis relevante en Latinoamérica y el Caribe. En Uruguay se considera interrumpida la transmisión vectorial domiciliar por *Triatoma infestans*, aunque la situación eco-epidemiológica requiere actualización. Ante la ausencia de vigilancia activa, este trabajo se enfocó en identificar especies silvestres del género *Triatoma* (Hemiptera: Reduviidae) en Uruguay. Se realizaron colectas en pedregales distribuidos en todo el territorio nacional, ecotopos donde se ha descrito la presencia de *T. rubrovaria* y *T. circummaculata*. El objetivo fue caracterizar molecularmente estos triatomos y aportar información sobre su diversidad. Se secuenció un fragmento del gen mitocondrial citocromo oxidasa I (coI) en 70 individuos. Las secuencias se alinearon con registros de GenBank correspondientes a especies del subcomplejo *Rubrovaria* y se analizaron filogenéticamente. Los resultados permitieron proponer la identificación de las especies a partir de una única región génica y contrastarla con la identificación morfológica. La comparación con secuencias públicas reveló discordancias entre algunas identificaciones taxonómicas y los datos moleculares. Estos resultados destacan la utilidad del coI como aproximación al relevamiento de triatomos en Uruguay, aportando información para actualizar la situación de la enfermedad de Chagas en el país. A su vez, evidencian la necesidad de integrar marcadores nucleares y morfológicos para comprender mejor relaciones filogenéticas, patrones poblacionales e identificación de especies.

GPE 22

METABARCODING COMMUNITY PHYLOGENETICS FROM ENVIRONMENTAL DNA: CHALLENGES AND OPPORTUNITIES

Diniz-Filho J.A.¹, Bini L.M.¹, Nabout J.C.², Duarte da Silva L.³, Ortiz D.¹, Carvalho D.⁴, Oliveira H.⁴, Ready J.⁵, Micah D.⁶, Targueta C.¹, Nunes R.², Soares T.¹, Telles M.⁷, ¹ UFG, Brasil, ² UEG, Brasil, ³ UFRGS, Brasil, ⁴ PUC MG, Brasil, ⁵ UFPA, Brasil, ⁶ University of Oslo, Norway, ⁷ PUC GO, Brasil. diniz@ufg.br

Environmental DNA (eDNA) metabarcoding offers a powerful framework for overcoming major taxonomic shortfalls in community phylogenetics by simultaneously generating operational taxonomic units and their evolutionary relationships. Here, we discuss the main challenges associated with integrating these approaches, including unit delimitation, incomplete reference databases, and the reliability of phylogenetic inferences based on short marker sequences. To address incomplete reference databases, we propose a phylogenetically informed de novo strategy that retains unidentified sequences by delimiting clades based on known ancestral relationships. We also evaluated the phylogenetic signal in 12S rRNA sequences of approximately 170 bp amplified using MiFish primers, with eDNA extracted from water samples of 140 lakes visited along ca. 3200 km of the Araguaia River basin. These data allowed us to define approximately 1,400 ASVs, out of which 426 were taxonomically identified, representing 62 species. By comparing pairwise phylogenetic distances derived from ASVs with distances extracted from an established megatree of Neotropical fishes we found a strong correspondence between the two datasets (Mantel $r = 0.93$; $P = 0.001$ with 999 random permutations) after accounting for nonlinearity. Thus, the phylogenies from ASVs capture biologically meaningful structures driving autocorrelation and non-independence for comparative and community-level analyses. Overall, we reinforce the potential of integrating community phylogenetics with eDNA metabarcoding, provided that the evolutionary models associated with the marker sequences are explicitly considered when interpreting ecological and evolutionary patterns. Funding: INCT EECBio (CNPq proc. 409197/2024–6), PPBio Araguaia (CNPq proc. 441114/2023–7) e Araguaia Vivo 2030” program (TWRA/FAPEG agreement, proc. 202210267000536).

GPE 23

DESCUBRIENDO LA HISTORIA EVOLUTIVA DE *PHYSALAEMUS SANTAPECINUS*: PRIMEROS ANÁLISIS FILOGENÉTICOS Y FILOGEOGRÁFICOS

Velazco A.N.¹, Baldo J.D.^{1,2}, Camargo Bentaberry A.³, Haddad C.F.B.⁴, Schneider R.G.¹. ¹ Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UnaM, Argentina, ² Instituto de Biología Subtropical, CONICET, UnaM, Argentina, ³ CENUR Noreste, sede Rivera, Universidad de la República, Rivera, Uruguay, ⁴ Instituto de Biociências Universidades Estadual Paulista, Brasil. agus.velazco05@gmail.com

Physalaemus santafecinus es un anuro endémico del NEA en Argentina, distribuido en las provincias de Santa Fe, Chaco, Corrientes, Formosa y Entre Ríos. Habita y se reproduce en biotopos arenosos cercanos a cuerpos de agua temporarios, y presenta una gran plasticidad para adaptarse a modificaciones del hábitat. Su información genética es escasa y se limita a algunas secuencias provenientes de estudios filogenéticos del género. El objetivo de este trabajo es analizar la diversidad y estructura genética e historia evolutiva de *P. santafecinus* a partir de 34 muestras analizadas de todo su rango de distribución, mediante el estudio del gen mitocondrial 16s. En el análisis filogenético de Máxima Parsimonia se recuperan a todos los ejemplares como un grupo monofilético con altos valores de soporte (Bootstrap $\geq 70\%$) y escasas distancias genéticas entre ellos (0.00 – 1%), acorde a lo esperado para ejemplares asignados a la misma especie. En el análisis de delimitación con Geneland se identificaron 3 grupos genéticos: Norte, Centro-Sur y Oeste; sin embargo, la red de haplotipos no evidencia una estructura geográfica marcada. Se identificaron 14 haplotipos, definidos por 14 sitios variables, y elevadas diversidades nucleotídica y haplotípica ($\pi=0.00479$, $hd=0.909$). Los test de neutralidad (Test de Fu y Tajima) mostraron valores negativos, pero no significativos ($F_s = -2,36890$, $p > 0,05$; $D = -1.40930$, $p > 0.05$), sugiriendo equilibrio demográfico a través del tiempo. Este trabajo representa una primera aproximación a los estudios genéticos de esta especie.

GPE 24

PANGENOMICS AND HIGH-THROUGHPUT PHENOTYPING REVEAL INTRASPECIFIC DIVERSITY IN *CRENICICHLA TUCA* (CICHLIDAE)

Napolitani M.¹, Santander M.D.², Henning F.¹. ¹ Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Brasil, ² CONICET, Argentina. napolitanima@gmail.com

Understanding how structural genomic variation contributes to adaptation and population divergence is a central question in evolutionary biology. *Crenicichla*, a Neotropical cichlid lineage endemic to the Lower Iguaçu River, is a recent adaptive radiation that provides an excellent model for investigating the genomic and phenotypic basis of diversification. Here, we combined PacBio HiFi and Oxford Nanopore long-read sequencing to generate a population-level pangenome and characterize structural genomic variation in *C. tucana* (Cichlidae). In parallel, high-throughput image phenotyping was used to quantify body coloration and assess phenotypic divergence among populations. A draft pangenome assembled with hifiasm and minigraph identified thousands of insertions and deletions across the genome, including a pronounced hotspot on chromosome 14, as well as 125 putative inversions. Automated phenotyping detected significant population differences in body coloration, particularly in the green color channel. Together, these genomic and phenotypic data reveal substantial intraspecific diversity and identify candidate genomic regions potentially associated with population divergence.

GPE 25

CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE LA ESTRUCTURA POBLACIONAL DEL GATUZO, *MUSTELUS SCHMITTI*, EN AGUAS URUGUAYAS

Ariosa Fontana S.¹, Mas F.², Pereyra I.³, Laporta M.³, Silveira S.³, Doño F.⁴, Bouza C.⁵, Ríos N.¹. ¹ Facultad de Ciencias, Udelar, Uruguay, ² Laboratorio de Recursos Pelágicos (LaRPe), Dirección Nacional de Recursos Acuáticos (DINARA), Uruguay, ³ Unidad de Gestión Pesquera Atlántica (UGEPA), Dirección Nacional de Recursos Acuáticos (DINARA), Uruguay, ⁴ Departamento de Biología Poblacional, Dirección Nacional de Recursos Acuáticos (DINARA), Uruguay, ⁵ Instituto iTERRA, Universidad de Santiago de Compostela, Lugo, España. sariosa@fcien.edu.uy

El gatujo, *Mustelus schmitti* (Triakidae), es un tiburón endémico de la costa suroeste del Océano Atlántico. Esta especie es un importante recurso para la pesca artesanal e industrial, cuya explotación ha llevado a que actualmente sea catalogada como críticamente amenazada por la IUCN. Estudios previos utilizando un marcador mitocondrial y un estudio realizado por nuestro grupo de investigación donde se desarrolló un panel de marcadores microsatélite sugirieron que *M. schmitti* en la costa uruguaya se comportaría como una población panmíctica. Dados estos antecedentes y el estado de conservación de la especie nos propusimos analizar la estructura poblacional de *M. schmitti* a nivel genómico empleando miles de loci de tipo SNP, abordaje que permite una mayor resolución en comparación con los estudios previos. Se aplicó la metodología 2bRADseq para 34 muestras de individuos capturados en aguas uruguayas comprendiendo 3 localidades: Río de la Plata, costa atlántica y plataforma externa. Se genotiparon 4829 loci utilizando como referencia el genoma de *Mustelus asterias* y 1969 loci de novo. La heterocigosidad observada media fue de 0,223 con referencia y 0,371 de novo. Mediante el análisis bayesiano de la estructura poblacional no se encontraron evidencias de estructuración. El tamaño efectivo poblacional estimado fue de 1084. Si bien los resultados coinciden con la consideración actual de *M. schmitti* como un único stock pesquero en aguas uruguayas, el trabajo se complementará con un mayor número de muestras para obtener estimaciones más robustas y fortalecer las conclusiones.

GPE 26

DIVERSIDAD GENÉTICA DE CYT-B EN TRUCHA ARCOÍRIS (*ONCORHYNCHUS MYKISS*) EN POBLACIONES DE LA PROVINCIA DE SANTA CRUZ (ARGENTINA)

De Carli P.¹, Aguila F.E.^{1,2}, Fernandez L.M.¹, Corbacho V.¹. ¹ Universidad Nacional de la Patagonia Austral, Argentina, ² CIT Santa Cruz CONICET, Argentina. pdecarli@uarg.unpa.edu.ar

La trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) es una especie exótica ampliamente distribuida en la Patagonia, presente en muchos cuerpos de agua de la provincia de Santa Cruz (Argentina), con un historial de introducciones desde principios del siglo pasado. El objetivo de este estudio es analizar la diversidad genética del marcador mitocondrial citocromo b (cyt-b) en *O. mykiss*. Se obtuvieron muestras de las poblaciones de lago del Desierto (n=2), lago Cardiel (n=4), lago Strobel (n=4) y río Santa Cruz (n=6), Centro de Salmonicultura Bariloche (n=2) y Estación de Piscicultura Isla Pavón (n=2). El lago Cardiel y el lago Strobel constituyen cuencas endorreicas. Fue amplificada y secuenciada una región de cyt-b de 656 bp. La diversidad nucleotídica y haplotípica globales para todas las poblaciones fueron de $4,59.10^{-3} \pm 7,79.10^{-6}$ y $0,761 \pm 0,003$ respectivamente. Se observaron un total de 8 sitios variables, determinando 5 haplotipos. En el lago Cardiel se encontró un único haplotipo (H3), exclusivo de ese sitio. Los haplotipos restantes se encontraron compartidos entre sitios, y en todos estos se registró la presencia de más de un haplotipo. El H3 difiere del haplotipo más común en una única transición (G→A), que se traduce en la mutación Gly→Asp en el aminoácido 152 de la secuencia de cyt-b. Su naturaleza fisicoquímica y su fijación en la población sugieren que, o bien se fijó por deriva génica en un evento fundador, o por selección asociada a alguna ventaja adaptativa a las condiciones particulares del lago Cardiel.

GPE 27

DIVERSIDAD GENÉTICA EN CANNABIS SATIVA: ENTRE LA HISTORIA EVOLUTIVA Y LOS PROCESOS DE DISPERSIÓN RECIENTES MEDIADOS POR HUMANOS

Vaccarini C.¹, Gaiero P.², Sedan D.¹, Castiñeira E.², Andrinolo D.¹, Speranza P.². ¹ Centro de Investigaciones del Medioambiente (CIM-CONICET-CIC), Universidad Nacional de La Plata, Argentina, ² Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. cristianvaccarini670@gmail.com

Cannabis sativa L., originaria de Asia Central, posee una extensa historia de domesticación y dispersión asociada a migraciones humanas, rutas comerciales y diversos usos, lo que contribuyó a su expansión y diversificación. Recientemente, este proceso se intensificó debido al intercambio internacional de germoplasma, la hibridación y la flexibilización de los marcos regulatorios. Estudios genéticos basados en polimorfismos de nucleótido único (SNPs) y microsatélites (SSR) evidenciaron una marcada diferenciación entre materiales hemp, seleccionados para la producción de fibra y semillas, y materiales drug-type, seleccionados por su elevado contenido de cannabinoides, además de una alta mezcla genética en cultivares modernos. Sin embargo, Sudamérica (SA) permanece poco representada en estos estudios. El objetivo del presente trabajo es desarrollar un panel de SSR nucleares e incorporar información obtenida mediante el secuenciamiento de plastomas completos para caracterizar la diversidad genética de materiales SA. Como resultado se seleccionó un panel de 20 SSR nucleares distribuidos a lo largo del genoma, considerando su polimorfismo, cobertura genómica y calidad de amplificación. Actualmente se analizan muestras trazables de Argentina y Uruguay, representativas de distintos perfiles varietales y orígenes geográficos, en comparación con germoplasma internacional previamente caracterizado de Asia, Europa y Norteamérica. Los resultados permitirán evaluar la diversidad genética, la estructura poblacional y las relaciones filogenéticas de los materiales SA en un contexto global.

GPE 28

ANÁLISIS PRELIMINAR DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE POBLACIONES NATURALES DE PASPALUM NOTATUM PROVENIENTES CUATRO DISTRITOS DE PARAGUAY

Varela Bento E.¹, Valdez Rodríguez A.¹, Rales Fernández F.¹, Arce Galeano L.¹, Lugo González N.¹, González Haluska M.¹, Páez Roa P.¹, Méndez Azucas S.¹, Cabral Díaz C.¹, Vallejos Verón R.¹, Giménez F.¹, Espinoza Vera M.¹, Sánchez Brizuela B.¹, Gayozo Melgarejo E.¹. ¹ Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. eliasvbento@gmail.com

Paspalum notatum es una especie nativa de pastizales sudamericanos con potencial ecológico y forrajero, a pesar de ello, los estudios fenotípicos son escasos en Paraguay. El estudio tiene por objetivo analizar la variabilidad fenotípica de las poblaciones naturales de *P. notatum* provenientes de cuatro distritos de Paraguay. Se colectaron individuos de los distritos de San Lorenzo, Luque, San Bernardino y Lambaré, se evaluaron fenotipos como largo de vaina foliar, ancho de vaina foliar, largo lágula, presencia de pelos en las hojas, largo de inflorescencia, número de espigas y largo de espiguilla. Los datos obtenidos fueron analizados con PCA, Clustering y MANOVA. Los resultados revelaron diferencias significativas ($P < 0,05$) en la población procedente de San Bernardino en comparación a la de San Lorenzo. El PCA evidenció que las poblaciones con mayor variabilidad fueron las de Lambaré y San Bernardino, y las de menor variabilidad las de San Lorenzo y Luque. Los fenotipos de mayor influencia en la varianza detectada fueron el largo de la inflorescencia, el largo de vaina foliar y el largo de espiguilla. El Clustering evidenció tres clústeres fenotípicos, el clúster principal conformada por individuos de Luque, San Bernardino y Lambaré, el segundo clúster por individuos de San Lorenzo principalmente, y el clúster más pequeño por individuos de San Bernardino y Lambaré. Estos hallazgos preliminares sugieren variabilidad fenotípica en las poblaciones evaluadas identificándose los fenotipos de mayor influencia, se recomienda seguir trabajando con otras poblaciones.

GPE 29

GENÓMICA DE POBLACIONES DE LA MOSCA DE LA BICHERA, *COCHLIOMYIA HOMINIVORAX* (DIPTERA: CALLIPHORIDAE)

Fresia P.¹, Marques L.², Iriarte M.V.², Fernández F.². ¹ Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay, ² Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca, Uruguay. pfresia@pasteur.edu.uy

La mosca de la bichera (*Cochliomyia hominivorax*), en su fase larvaria es un ectoparásito obligatorio de los vertebrados de sangre caliente, incluidos los seres humanos. Las hembras oviponen en las mucosas o en heridas y las larvas se alimentan de los tejidos vivos del hospedero causando miasis, que en casos severos o por sepsis pueden provocar la muerte. Esta parasitosis genera importantes consecuencias sanitarias, veterinarias y económicas. En Uruguay, cuya economía depende en gran medida de la producción ganadera, las pérdidas anuales asociadas a la miasis se estiman entre 40 y 45 millones de dólares, lo que sustenta el marcado interés en el desarrollo de estrategias de control y en la eventual erradicación de la miasis. Con el objetivo de caracterizar la variabilidad genética y la estructura poblacional de *C. hominivorax* en la región, se analizó la diversidad genética mediante aproximadamente 20.000 SNPs bialélicos obtenidos por genotipado por secuenciación (GBS). El estudio incluyó 384 individuos provenientes de 84 sitios de muestreo distribuidos en Argentina (n = 16), Brasil (n = 5) y Uruguay (n = 63). Estos sitios fueron posteriormente agrupados en 28 localidades, considerando la capacidad de dispersión natural de la especie, estimada en aproximadamente 50 km por generación. La diversidad nucleotídica (π) estimada mediante ventanas deslizantes de 1000 kb, presentó valores comprendidos entre 0,05 y 0,3. En conjunto, los resultados evidencian la existencia de una población continua, aunque con variaciones locales en las frecuencias alélicas.

GPE 30

ANÁLISIS DE PARÁMETROS DE DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA POBLACIÓN DE *ADDAX NASOMACULATUS* DEL PARQUE LECOCQ, URUGUAY

Crampet Pardiñas M.B.¹, Montenegro M.², Gutiérrez F.¹. ¹ Parque Lecocq, Intendencia de Montevideo, Uruguay, ² Facultad de Veterinaria, Universidad de la República, Uruguay. belucrampet05@gmail.com

La gestión de la diversidad genética es clave para la conservación *ex situ* de especies en peligro crítico de extinción. El Parque Lecocq alberga una población de *Addax nasomaculatus* (Bovidae), derivada de una única pareja fundadora, cuya última caracterización genealógica se realizó en 2008. El objetivo de este estudio fue analizar los parámetros de diversidad genética a partir de su genealogía, compararlos con los previamente reportados y evaluar la asociación de la consanguinidad (F) con la mortalidad antes del año de vida ($Mt < 1$) y con la longevidad (12 y 14 años, medianas reportadas en machos y hembras en cautiverio, respectivamente). A partir de registros institucionales (1985–2025) se construyó un pedigrí de 142 ejemplares, definiendo 53 como población de referencia. Los análisis se realizaron con ENDOG (v4.8) y las asociaciones con F se evaluaron con PAST (v5.3). Los coeficientes medios de F y parentesco (AR) aumentaron en ambas poblaciones. Si bien el tamaño efectivo (N_e) fue bajo (3,17), aumentó 40% en la población total y 49% en la de referencia, lo que sugiere una mejora asociada al manejo reproductivo. La longevidad se asoció negativamente con F ($p < 0,001$), mientras que $Mt < 1$ no se asoció significativamente ($p = 0,388$). Estos resultados destacan la importancia del manejo reproductivo para conservar la variabilidad genética y la utilidad del pedigrí actualizado para planificar futuras parejas reproductivas. Asimismo, resulta necesario continuar investigando los posibles efectos de la depresión endogámica sobre la salud y la viabilidad poblacional.

GPE 31

LINAJES PATERNOS DEL CROMOSOMA Y EN URUGUAYOS CON ASCENDENCIA VASCA

Torres G.¹, Mut P.¹, Sans M.¹. ¹ Facultad de Humanidades y Ciencias de la Educación, Universidad de la República, Uruguay. agtorresluzardo@gmail.com

Entre las poblaciones europeas que migraron a Uruguay durante el siglo XIX, una de las más importantes fue la vasca. Popularmente se considera que fueron integradas rápidamente, pero los procesos migratorios son social y culturalmente complejos. Trabajos previos sobre descendientes de vascos en Uruguay, basados en ADN mitocondrial mostraron un significativo aporte de linajes maternos indígenas (20%) y africanos (2%), reflejando procesos de mestizaje. Sin embargo, los linajes paternos no han sido estudiados. El objetivo fue analizar la variabilidad de linajes paternos mediante marcadores Y-STR en una muestra de uruguayos con ascendencia vasca de Trinidad (Flores), y compararla con poblaciones vascas de referencia. Se genotiparon 24 individuos con el sistema YfilerPlus y los haplogrupos se estimaron utilizando Haplogroup Predictor. Se calcularon índices de diversidad molecular y las relaciones genealógicas se exploraron mediante redes Median Joining que incluyeron la muestra uruguaya y tres poblaciones vascas. Todos los haplogrupos resultaron de origen europeo, destacándose uno de ellos (R1b) con una frecuencia de 71.17%, superior al promedio de este haplogrupo en Uruguay. Se observaron similitudes entre haplotipos uruguayos y aquellos de poblaciones vascas. Según la red MJ, los inmigrantes vascos en Uruguay provendrían de poblaciones vascas de diverso origen observándose muy pocos haplotipos locales derivados. Los resultados sugieren similitudes parciales entre haplotipos uruguayos y haplotipos típicamente vascos, aunque con orígenes diversos que reflejarían distintos flujos migratorios.

GPE 32

ESTRUCTURACIÓN GENÉTICA DEL GECKO *PHYLLODACTYLUS GERRHOPYGUS* (SQUAMATA: PHYLLODACTYLIDAE) EN EL DESIERTO DE ATACAMA, PERÚ

Cusi Martínez J.C.^{1,2}, Esquerré D.², Ramírez-Reyes T.⁴, Andrade S.C.S.⁵, Machado C.². ¹ Museo de Historia Natural, Lima, Perú, ² Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú, ³ School of Science, The University of Wollongong, Australia, ⁴ Facultad de Ciencias Forestales, UANL, Nuevo León, México; Instituto de Biología, UN, México, ⁵ Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brazil. jcarlosusim@gmail.com

El desierto de Atacama es uno de los ecosistemas más áridos del mundo e impone fuertes restricciones ambientales a la biodiversidad. *Phyllodactylus gerrhopygus*, un reptil de la familia Phyllodactylidae ampliamente distribuido en la cordillera occidental de Perú y Chile, ha mostrado tener una enorme plasticidad ambiental ocupando playas, dunas, lomas y matorral andino. Nuestro objetivo es investigar si existe estructuración poblacional en *P. gerrhopygus* en territorio peruano. Para eso, 91 individuos de 44 localidades a lo largo de su distribución fueron secuenciadas mediante DArTseq obteniéndose 22725 SNPs. El muestreo abarcó un gradiente latitudinal y altitudinal desde Lima hasta Tacna en Perú (12–18°S, 0–3012 m.s.n.m.). Los análisis de estructuración poblacional de DAPC, ADMIXTURE y sNMF fueron congruentes entre sí y revelaron una estructura poblacional formada por seis grupos genéticos (C1–C6) de moderada a alta diferenciación genética ($F_{ST} = 0.088–0.764$, $p < 0.001$) y con un bajo nivel de mezcla genética (~18% de individuos admixed). Estos grupos genéticos resultaron organizados jerárquicamente en dos grandes grupos geográficos: norte (C1–C2) y sur (C3–C6), claramente separados en el PCA ($PC1 = 41.9\%$). El análisis de varianza molecular (AMOVA) apoyó la fuerte estructuración genética con 64.8% de variación genética entre las poblaciones y 35.2% dentro las poblaciones. La distribución geográfica de los seis grupos genéticos mostró zonas de contacto entre grupos adyacentes. Estos resultados apoyan la marcada estructuración de *P. gerrhopygus*, además, futuros estudios evaluarán la influencia de la heterogeneidad del paisaje y las variaciones climáticas sobre la distribución de la variabilidad genética.