

SIMPOSIOS

SYMPOSIA

ESTRATEGIAS INNOVADORAS DE ENSEÑANZA EN GENÉTICA PARA LA EDUCACIÓN SUPERIOR EN AMÉRICA LATINA

Mampel A. Universidad Nacional de Cuyo (UNCuyo). Mendoza, Argentina.

El simposio aborda la necesidad de transformar la educación científica regional. Propone enfoques transdisciplinarios y metodologías activas como el aprendizaje basado en problemas, laboratorios virtuales y redes colaborativas. El éxito de estas estrategias exige formación docente, infraestructura tecnológica y alianzas institucionales, integrando principios éticos y de responsabilidad social. Finalmente, se presentarán experiencias clave como el enfoque LatinOMICS, innovaciones pedagógicas y proyectos de colaboración para el diagnóstico genético.

REDES, GENÓMICA Y APRENDIZAJE: EL ENFOQUE LATINOMICS EN LA ENSEÑANZA DE LA GENÓMICA EN IBEROAMÉRICA

García Ortiz J. E. Centro de Investigación Biomédica de Occidente, Centro Médico Nacional de Occidente – Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS). Ex Presidente RELAGH. México. jose.elias.garcia@gmail.com

La incorporación de la genómica a la práctica clínica en Iberoamérica avanza más rápido que la formación de quienes deben solicitar, interpretar y comunicar sus resultados. La región aporta una amplia diversidad genética, pero sus poblaciones siguen subrepresentadas en las bases de referencia, lo que eleva la proporción de variantes de significado incierto y exige profesionales capaces de razonar con incertidumbre. A esto se suman una distribución desigual de especialistas en genética, laboratorios con distintos niveles de acreditación y programas con contenidos heterogéneos. LatinOMICS, iniciativa regional orientada a la equidad en medicina genómica, parte de que la enseñanza no puede separarse de la estructura en que ocurre. La presentación expone tres componentes del enfoque. Primero, el aprendizaje en red: la colaboración entre instituciones con recursos distintos permite compartir casos clínicos, materiales docentes e instrumentos de evaluación, y reduce la dependencia de los centros con mayor infraestructura. Segundo, el aprendizaje situado en datos: trabajar con variantes de pacientes latinoamericanos, frecuencias alélicas regionales y criterios de clasificación muestra al estudiante por qué el origen de los datos de referencia modifica el diagnóstico. Tercero, la formación ética y normativa, que incorpora consentimiento informado, protección de datos genómicos, retorno de resultados y acceso equitativo de forma transversal y no en módulos aislados. Se discuten los obstáculos para implementar este modelo (financiamiento, reconocimiento académico de la docencia colaborativa, conectividad) y se propone que las sociedades científicas, como RELAGH, articulen comunidades de práctica que evalúen con criterios comparables los resultados de aprendizaje en la región.

INNOVACIONES PEDAGÓGICAS EN GENÉTICA

Pardo R. A. Hospital Clínico Universidad de Chile, Universidad de Chile. rpardo@hcuch.cl

La medicina genómica (MG) es aquella en que, se aplican los conocimientos actuales sobre las variantes en el ADN que se asocian a enfermedades, a la atención directa de los pacientes. La MG, contribuye a detectar más pronto un diagnóstico, delimitando características biológicas que orienten sobre el pronóstico de la patología, permitiendo en algunas ocasiones implementar un tratamiento “personalizado”, al saber que determinadas variantes en X genes responden a un fármaco en particular. Los países con planes nacionales de MG, han evidenciado la necesidad

de alfabetizar en MG, a los profesionales de la salud, la población en general, y por supuesto a los tomadores de decisión. La formación de los actuales profesionales de la salud desde pregrado hasta la educación continua debe incluir conceptos de genética y genómica. Se comparten estrategias empleadas para formar personas en el área, desde actividades comunitarias sobre la relevancia de la historia clínica, pasando por la reforma consensuada de curriculums mínimos en el área, las diferencias entre comunidades y a diversidad de las poblaciones, las barreras del lenguaje, la importancia de la comunicación efectiva, hasta metodologías implementadas en el aula universitaria, menos formales que las charlas magistrales, aprovechando los recursos que la tecnología nos permite, sin olvidar la interacción humana a través de la simulación e incluyendo al juego como elemento pedagógico motivacional y de trabajo en equipo. Se introducen estrategias de abogacía en el área de la genómica, para poder ilustrar a nuestras autoridades sobre la relevancia de implementar en nuestra región la MG.

COLABORAR PARA DIAGNOSTICAR: UNA NUEVA MORADA DE LA ENSEÑANZA EN GENÉTICA

Mampel A. Presidente de la Red Latinoamericana de Genética Humana (RELGH),
Argentina. mampelalejandra@gmail.com

La acelerada evolución de la genómica clínica exige transformar la educación médica mediante metodologías activas situadas en la práctica real. En este simposio se abordan como ejemplos de propuestas pedagógicas, la enseñanza de genética basada en la integración del Aprendizaje Basado en Problemas (ABP), *hackatones* genómicos y simulaciones de *role playing*, orientada a la resolución colaborativa e interdisciplinaria de casos clínicos complejos. A través del ABP, estudiantes, residentes, maestrandos y doctorandos de genética, bioinformática y medicina abordan pacientes sin diagnóstico definitivo, analizando variables clínicas y moleculares. Los *hackatones* potencian este proceso al concentrar intensamente a equipos multidisciplinarios en el desarrollo de soluciones bioinformáticas e interpretación de datos masivos bajo presión de tiempo real. Por su parte, el *role playing* permite simular instancias críticas, como el asesoramiento genético, la entrega de resultados complejos y la discusión en comités de ética, fortaleciendo la empatía y la comunicación profesional. Esta articulación metodológica constituye una "nueva morada" de aprendizaje: un entorno reflexivo donde el diagnóstico se transforma en un proceso colectivo. Los resultados preliminares muestran una mejora significativa en el razonamiento clínico, la precisión diagnóstica y el desarrollo de competencias transversales para la gestión de la incertidumbre genómica. En conclusión, la combinación de ABP, *hackatones* y simulación no solo eleva el nivel de la alfabetización genómica avanzada, sino que impacta positivamente en la atención del paciente y consolida el trabajo interdisciplinario como un objetivo a alcanzar.

GENÉTICA DEL CÁNCER

Duhagon M. A.¹, Matho C.^{1,1} Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina y Sección Genómica Funcional, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UdelAR), Montevideo, Uruguay.

Los avances en genómica están redefiniendo la prevención, el diagnóstico y el tratamiento del cáncer. Este simposio reunirá referentes regionales que presentarán experiencias sobre la implementación de tecnologías de secuenciación de próxima generación y su aplicación en medicina de precisión. Se discutirá la importancia del desarrollo de bases de datos y se presentarán abordajes novedosos de integración de proteo-transcriptómica espacial. El encuentro promoverá el intercambio y generación de redes de colaboración en América Latina.

SITHER –LA IMPORTANCIA DE TENER UNA BASE DE DATOS LOCAL

Núñez L. Programa Nacional de Cáncer Familiar (PROCAFA), Instituto Nacional del Cáncer (INC). Buenos Aires, Argentina, linamnunez@gmail.com

Desde el año 2017 la Red Argentina de Cáncer Familiar (RACAF) comenzó a compartir información genómica anonimizada en una base de datos de libre consulta denominada SITHER (Sistema de Información de tumores hereditarios). Link: <http://inc.gob.ar/sither>. Esta base de datos reúne variantes genéticas halladas en estudios moleculares solicitados por médicos integrantes de RACAF, en cualquier gen analizado además de algunos datos clínicos puntuales. Este es un recurso de fundamental importancia para conocer la epidemiología de los tumores hereditarios en Argentina y permite unificar pautas de nomenclatura, detectar errores, colaborar en la interpretación del significado clínico de variantes y promover el trabajo colaborativo. SITHER posee actualmente datos genómicos provenientes de 78 instituciones y ha incorporado resultados de más de 5000 pacientes. A julio de 2026, SITHER alberga más de 11.800 variantes totales correspondientes a 155 genes y un 6% de las mismas son variantes noveles (nunca descriptas).

GENÓMICA DEL CÁNCER: DE LA PREVENCIÓN AL TRATAMIENTO

Turjanski A.^{1,2}, Marti M.^{1,2}, Biagioli G.^{1,2}, Muñoz D.¹, Geisner A.¹.¹ Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Argentina, ² Bitgenia, Argentina. aturjans@gmail.com.

La genómica desempeña un rol central en la transformación de la oncología moderna, impactando de manera determinante en la prevención, el diagnóstico oportuno y la selección de terapias personalizadas. En este simposio les contaré sobre la plataforma integral bioinformática orientada al análisis e interpretación traslacional de variantes genómicas tanto en la línea germinal como en la somática. En el ámbito preventivo y de estratificación, implementamos algoritmos basados en scores de riesgo poligénico (PRS) en conjunto con la identificación de variantes monogénicas de alta penetrancia, permitiendo estimar con precisión el riesgo individual de desarrollar diversos tipos de cáncer previo a su manifestación clínica. Simultáneamente, para el abordaje del paciente oncológico, la plataforma procesa datos de secuenciación masiva (NGS) para caracterizar exhaustivamente alteraciones somáticas tumorales, tales como mutaciones accionables, firmas mutacionales, carga mutacional tumoral (TMB) e inestabilidad de microsatélites (MSI). Esta integración computacional permite conectar perfiles moleculares complejos con guías clínicas de tratamiento y bases de evidencia terapéutica, optimizando la toma de decisiones médicas hacia terapias dirigidas e inmunoterapias, al tiempo que anticipa mecanismos de resistencia farmacológica. Los estudios permiten por un lado estimar la predisposición hereditaria y por otro el perfilado tumoral somático y combinados son una herramienta hoy de alta relevancia que acorta la brecha entre la bioinformática y la práctica clínica, impulsando una medicina de precisión accesible y de alto impacto asistencial.

CHARTING SPATIAL BIOLOGY: INTEGRATING PROTEOTRANSCRIPTOMICS AND AI IN HEAD AND NECK CANCER

Fernandes Matuk B. Facultad de Medicina, Universidad de San Pablo (USP). San Pablo (SP), Brasil, bruno.matuck@gmail.com

Head and neck squamous cell carcinoma (HNSCC) remains a disease of poor prognosis, in which progression and therapy response are shaped less by malignant cells alone than by the architecture of the surrounding microenvironment. Spatial biology now allows this architecture to be mapped directly in intact tissue. This lecture will present how integrating spatial proteomics (PhenoCycler) and spatial transcriptomics (Xenium) proteotranscriptomics, with artificial intelligence redefining our understanding of the HNSCC tumor microenvironment. I will discuss cancer-associated fibroblast (CAF) heterogeneity, including antigen-presenting-like fibroblast states and CCL19+ stromal niches that organize immune infiltrates and tertiary lymphoid structures, and how stromal-immune crosstalk delineates immunologically active versus excluded tumor regions. To scale these analyses to millions of cells, we developed TACIT, a threshold-based cell-type annotation algorithm that harmonizes protein and RNA readouts across platforms, and we combine it with deep learning applied to H&E images to transfer spatial signatures to routine diagnostic slides. Together, these approaches move spatial biology from descriptive atlases toward clinically actionable maps of the tumor ecosystem, with implications for patient stratification, biomarker discovery, and the design of stroma-targeted immunotherapies in HNSCC.

GENÓMICA DEL CÁNCER EN URUGUAY: EXPERIENCIA EN EL DESARROLLO E IMPLEMENTACIÓN DE NGS EN EL ÁMBITO ACADÉMICO

Duhagon A. M.¹ Mathó C.¹ Chávez S.¹, Sotelo-Silveira J. R.^{2,3}. ¹ Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina y Sección Genómica Funcional, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (Udelar), Montevideo, Uruguay, ² Departamento de Genómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay. ³ Sección Biología Celular, Facultad de Ciencias, Udelar, Uruguay. Mduhagon@fcien.edu.uy, mduhagon@fmed.edu.uy.

La genómica del cáncer ha transformado la comprensión de los mecanismos moleculares involucrados en el desarrollo tumoral y ha impulsado la incorporación de herramientas de medicina de precisión para el diagnóstico, pronóstico y tratamiento de los pacientes. En Uruguay, la implementación de tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS) ha representado una oportunidad para fortalecer la investigación biomédica y ampliar el acceso a estudios genéticos de alta complejidad, aunque también ha planteado desafíos relacionados con la infraestructura, el financiamiento, la capacitación de recursos humanos y el análisis de datos genómicos. En esta charla se presentará la experiencia de la Unidad Académica de Genética de la Facultad de Medicina de la Universidad de la República (UDELAR) en colaboración con el Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable en el desarrollo de pruebas de NGS aplicadas al estudio del cáncer. Se describirán las contribuciones del grupo en el diseño, validación e implementación de paneles multigénicos para la identificación de variantes germinales asociadas a síndromes de predisposición hereditaria al cáncer, así como los resultados obtenidos en cohortes uruguayas de pacientes con cáncer colorrectal hereditario y síndrome de Lynch estudiados en el marco de un proyecto colaborativo con el Banco de Tumores (HCFEFAA) y el Hospital de Clínicas (UDELAR). Asimismo, se presentarán avances en la caracterización molecular de tumores mediante NGS, incluyendo estudios realizados en colaboración con grupos académicos e instituciones asistenciales nacionales, orientados a la identificación de biomarcadores y alteraciones genómicas de relevancia clínica. Finalmente, se discutirán los desafíos y oportunidades para incorporar pruebas de NGS de aplicación en cáncer en laboratorios nacionales, promoviendo el acceso equitativo a tecnologías de secuenciación y fortaleciendo la integración de la medicina de precisión en el sistema de salud.

ADN REPETITIVO Y EVOLUCIÓN GENÓMICA EN PLANTAS DE LATINOAMÉRICA

Sader M. A. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Universidad Nacional de Córdoba (UNC). Córdoba, Argentina.

El simposio explorará el papel del ADN repetitivo en la evolución de los genomas vegetales de América Latina, destacando su contribución a la organización cromosómica, la expansión genómica y la especiación. Integrará enfoques de citogenética molecular, genómica comparativa y bioinformática para analizar la diversidad de la flora regional, promoviendo el intercambio de metodologías y el fortalecimiento de colaboraciones científicas en torno a la evolución genómica de las plantas.

DISTRIBUCIÓN DEL ADN REPETITIVO EN ESPECIES DE VIGNA

Brasileiro-Vidal A. C.¹, do Vale Martins L.^{1,2}, Oliveira Silva J. H.¹, Medeiros F. L. B.¹, Costa Ferreiro Neto J. R.¹, Vaio M.³, Naito K.⁴, Da Costa A. F.⁵, Benko-Iseppon A. M.¹. ¹ Departamento de Genética, Universidad Federal de Pernambuco (UFPE). Recife, Pernambuco, Brasil, ² Departamento de Biología, Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI, Brazil, ³ Universidad de la República, UDELAR, Montevideo, Uruguay, ⁴ National Agriculture and Food Research Organization, Tsukuba, Japan, ⁵ Instituto Agrônomo de Pernambuco, Recife, Pernambuco, Brazil. ana.vidal@ufpe.br.

Understanding the organization and dynamics of plant genomes is essential for elucidating evolution, diversification, adaptation, and agronomically relevant traits. Despite advances in crop genomics, important gaps remain in understanding genome diversification in *Vigna*, particularly the roles of repetitive DNA, transposable elements (TEs), and epigenetic mechanisms in stress responses. These questions are especially relevant to cowpea (*Vigna unguiculata*), an important food legume adapted to drought and low-fertility soils but affected by abiotic and viral stresses. This lecture presents an integrated analysis of genome organization and dynamics in *Vigna*, combining comparative genomics, cytogenetics, transcriptomics, and DNA methylation. Comparative repeatome analyses of 16 *Vigna* species revealed clustering patterns broadly consistent with recent phylogenetic relationships. LTR retrotransposons were major components of the repetitive fraction, with Ty3/Gypsy and Ty1/Copia predominating. Lineage-specific patterns were detected, including Bianca elements in *V. vexillata* and *V. unguiculata*, while *V. reflexo-pilosa* showed the highest LTR-RT abundance. Insertion-age analyses indicated recent TE activity in several species, whereas *V. marina* showed a distinct pattern with greater LARD abundance and fewer recent insertions. Specifically in cowpea, TEs account for approximately 41% of the genome and are predominantly located in gene-poor regions. Transcriptomic analyses revealed stress-dependent TE responses, including initial activation followed by repression under root dehydration and predominantly reduced transcription under mechanical injury and viral infection. DNA methylation analyses of contrasting drought-response accessions revealed changes particularly in CHG and CHH contexts, together with differentially methylated regions, predominantly in CpG sites. Together, these findings highlight the dynamic interplay among repetitive DNA, TEs, chromosome organization, and epigenetic regulation in *Vigna* genome evolution and stress responses.

ASPECTOS DIFERENCIALES DEL REPITOMA CONOCIDO EN SOLANACEAE RELACIONADOS A SU DIVERSIDAD CARIOTÍPICA

Urdampilleta J. D.^{1,2}, Maldonado L.^{1,2}, Caliuolo G.^{1,2}, Sader M.¹. ¹ Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), Universidad Nacional de Córdoba (UNC). Córdoba, Argentina. ² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. jurdampilleta@imbiv.unc.edu.ar.

Solanaceae es una familia megadiversa, de gran relevancia económica y ecológica, cuya diversificación ha estado acompañada por importantes cambios en la organización y composición genómica. Estos procesos han contribuido a una marcada diversidad en la arquitectura cromosómica de sus diferentes linajes, incluyendo amplias variaciones en el tamaño del genoma. En este contexto, el análisis del ADN repetitivo (repitoma) constituye una herramienta fundamental para comprender la evolución estructural de los genomas y su relación con la diversificación de la familia. El repitoma de Solanaceae presenta una importante variación cualitativa y cuantitativa en sus diferentes componentes, tanto en el ADN repetitivo en tándem, representado por ADN satélite y ADN ribosómico, como en el ADN repetitivo disperso, constituido principalmente por elementos transponibles y secuencias simples repetidas (SSR). El análisis comparativo de estos componentes en un contexto filogenético permite identificar características ancestrales, patrones de conservación, amplificaciones independientes y pérdidas específicas de determinados linajes. La variación de las secuencias de ADN satélite permite caracterizar los principales clados de la familia mediante sus respectivos satelitomas. Por otra parte, los elementos transponibles constituyen la fracción mayoritaria del ADN repetitivo disperso y desempeñan un papel relevante en la composición y estructura genómica. En particular, las amplificaciones diferenciales de retrotransposones LTR, principalmente de las familias Ty1/Copia y Ty3/Gypsy, han contribuido a modelar la estructura cromosómica de géneros como *Solanum*, *Capsicum* y *Cestrum*. La integración de información sobre el repitoma, la citogenética y la filogenia permite una comprensión más amplia de la evolución y diversificación genómica de Solanaceae.

MAÍCES DE LAS TIERRAS BAJAS DE AMÉRICA DEL SUR: UNA MIRADA HACIA EL GENOMA DE RAZAS DE URUGUAY Y BRASIL

Carvalho R.¹, Vaio M.¹, Vidal R.¹, de Almeida N.². ¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR), Montevideo, Uruguay, ² Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica del Uruguay (UTEC), Uruguay. rcarvalho@fagro.edu.uy.

Los maíces de las Tierras Bajas de América del Sur constituyen un importante reservorio de diversidad de la especie, aunque para los territorios de Uruguay y Brasil las investigaciones están escasamente representadas. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la variabilidad intragenómica de variedades criollas de maíz de Uruguay y Brasil. Estimamos el tamaño del genoma, número de *knobs* y la presencia de cromosomas B de 15 variedades de maíz que representan 13 razas y, por último, llevamos a cabo un análisis de secuencias repetitivas de variedades de ambos países. Para el contenido de ADN, se encontró un gradiente decreciente del tamaño del genoma de norte a sur, asociado significativamente con la latitud. A nivel de *knobs*, un modelo que incluyó la interacción País × Raza detectó efectos significativos que muestran una inversión del patrón de números de *knobs* por raza entre países. Solo se encontraron cromosomas B en razas de Uruguay, mientras que para las secuencias repetitivas se observó una tendencia al aumento de los retrotransposones y una disminución de los *knobs* a medida que disminuye el contenido de ADN. En conjunto, estos resultados sugieren que el tamaño del genoma podría responder a presiones selectivas relacionadas con la adaptación local. Asimismo, el perfil de *knobs* por raza entre países, así como la presencia de cromosomas B en Uruguay pueden reflejar historias distintas de dispersión, selección local e incluso introgresión lo que resalta la complejidad de los procesos que moldean la arquitectura genómica del maíz a lo largo de gradientes geográficos.

VARIACIÓN DE FAMILIAS DE ADN REPETITIVO INTRA E INTERESPECÍFICA EN ORQUÍDEAS NEOTROPICALES

de Moraes A. P.¹, Vieira de Moraes I. F.², Vaio M.³. ¹ Instituto de Biociências (Câmpus de Botucatu), Universidade Estadual Paulista (Unesp), Botucatu, São Paulo (SP), Brasil, ² UNESP. Ana Carolina Humberto (Bra) UNESP, Brasil, ³ Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR), Montevideo, Uruguay. ap.moraes@unesp.br.

La fracción altamente repetitiva del genoma, compuesta principalmente por elementos transponibles y ADN satélite, influye directamente en el tamaño genómico y, en consecuencia, en el tamaño del núcleo, los cromosomas y las células. Esta variación es frecuente entre géneros y especies y suele asociarse a la amplificación de secuencias específicas de determinados taxones. En orquídeas neotropicales, *Scuticaria* presenta cromosomas grandes y genomas de gran tamaño, pese a compartir el número cromosómico más frecuente de Maxillariinae ($2n=40$). El análisis del repitoma mostró que cerca del 65% del genoma corresponde a secuencias altamente repetitivas, con predominio de Ty3-gypsy/Ogre, seguido de Ty1-copia/SIRE y Tork, y con linajes de Ogre diferenciados entre especies de Mata Atlántica/campos rupestres y Amazonia. La variación intraespecífica, en cambio, está poco documentada. En *Epidendrum denticulatum* Barb. Rodr., especie endémica de Brasil distribuida en Mata Atlántica y Cerrado, poblaciones con el mismo número cromosómico ($n=26/2n=52$) difieren en tamaño genómico: $1C=2,91$ pg en Cerrado y $1C=2,63$ pg en Mata Atlántica. El repitoma sugiere que esta diferencia resulta de la amplificación de dos familias de ADN satélite y dos linajes de elementos transponibles (LINEs y LTR/Ty3-gypsy/Athila) en el Cerrado. Estos resultados muestran que cambios en el ADN repetitivo pueden ocurrir entre especies y entre poblaciones, con posibles implicaciones en la diferenciación evolutiva y en procesos tempranos de especiación asociados a ambientes contrastantes

GENÉTICA: UN ARMA IMPRESCINDIBLE EN LA LUCHA CONTRA LA GARRAPATA

Giovambattista G.¹ Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET, UNLP-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata.

La garrapata *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* es uno de los ectoparásitos con mayor relevancia para la producción bovina. *R. microplus* produce pérdidas millonarias. Su control se basa en la aplicación de garrapaticidas, pero, han surgimiento de poblaciones de garrapatas resistentes, limitando la eficacia de esta herramienta. La incorporación de genética bovina resistente constituye un instrumento para su control integrado. El simposio abordará el estado del arte sobre las bases genéticas y los programas de evaluación sobre este carácter en la región.

DESARROLLO E IMPLEMENTACIÓN DE MÉTODOS DE EVALUACIÓN DE LA CARGA DE LA GARRAPATA COMÚN EN BOVINOS PARA SELECCIÓN DE ANIMALES RESISTENTES. FUNDAMENTOS EPIDEMIOLÓGICOS

Bonamy M.^{1,2}, Rossner V.³, Munilla S.⁴, Sarli M.³, Gómez V.³, Kambo S.⁵, Morel N.³, Giovambattista G.^{1,2}, Nava S.³.¹ Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional de La Plata, Argentina, ² IGEVET (UNLP-CONICET), Argentina, ³ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, INTA, Argentina, ⁴ Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina, ⁵ Asociación de Criadores de Brangus, Argentina. mbonamy@fcv.unlp.edu.ar.

El correcto fenotipado de los animales constituye uno de los principales desafíos para implementar programas de mejora genética de la resistencia a *Rhipicephalus microplus*. La expresión del fenotipo depende de la interacción hospedador–parásito y, por lo tanto, de la dinámica poblacional de la garrapata, fuertemente condicionada por factores ambientales y de manejo. En este trabajo se evaluó un protocolo de fenotipado basado en cuatro conteos de garrapatas realizados a intervalos de al menos 28 días en grupos de animales mantenidos bajo un mismo circuito de pastoreo. Los registros repetidos fueron integrados mediante un modelo lineal generalizado mixto, considerando el muestreo como efecto fijo y el individuo como efecto aleatorio. Las soluciones correspondientes al efecto individual fueron utilizadas como indicador de resistencia. El protocolo fue validado mediante infestaciones artificiales realizadas sobre una fracción de los mismos animales, luego de un tratamiento acaricida y posterior desafío con una dosis controlada de larvas. La concordancia entre las evaluaciones bajo infestación natural y artificial dependió marcadamente del nivel y la persistencia del desafío natural, alcanzando asociaciones elevadas en los rodeos con mayor infestación y disminuyendo en aquellos con baja carga parasitaria. Asimismo, la reducción de cuatro a tres conteos produjo cambios relativamente pequeños en la clasificación individual cuando el desafío fue adecuado, mientras que reducciones mayores afectaron su estabilidad. Estos resultados indican que la evaluación de resistencia requiere garantizar una exposición parasitaria suficiente y sostenida, por lo que el protocolo de fenotipado y el programa sanitario deben planificarse conjuntamente para evitar interferencias entre el control de la garrapata y la capacidad de identificar diferencias individuales.

MODELO DE SIMULACIÓN PARA LA EVALUACIÓN DE LA RESISTENCIA GENÉTICA A LAS GARRAPATAS EN BOVINOS

Munilla S.¹, Watson S.². ¹ Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía (FAUBA – CONICET), Universidad de Buenos Aires, Argentina, ² Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto e INCIVET (UNRC–CONICET). munilla@agro.uba.ar.

La resistencia genética a la infestación por garrapatas constituye una importante estrategia de control. Sin embargo, su evaluación genética es compleja, ya que la carga parasitaria observada resulta de la interacción entre la susceptibilidad del hospedador, la dinámica del parásito y las condiciones ambientales. En este contexto, la simulación estocástica permite representar estos procesos bajo condiciones controladas. En este trabajo presentamos un marco de simulación estocástica que incorpora la variación genética en la susceptibilidad del hospedador dentro de un modelo dinámico de infestación por *Rhipicephalus microplus*. La susceptibilidad del hospedador se definió como un carácter cuantitativo bajo los supuestos del modelo infinitesimal. Dado que representa una tasa estrictamente positiva, los valores genéticos se modelaron como una variable latente en escala logarítmica. A partir de esta variable latente, luego, el modelo genera un fenotipo de infestación individual en función de la disponibilidad de larvas y su supervivencia, vinculando explícitamente el valor genético del hospedador con el número de hembras que llegan al estadio que habitualmente se registra a campo. La implementación del modelo fue desarrollada en R y, para validarla, se simuló la dinámica de infestación durante dos años bajo diferentes niveles de desafío ambiental. Los niveles de infestación y su variación estacional fueron consistentes con observaciones de campo en Argentina. Se concluye que el modelo desarrollado constituye una herramienta flexible para estudiar las consecuencias de la selección genética por resistencia a la infestación por garrapatas bajo diferentes escenarios ambientales y de registro.

SITUACIÓN ACTUAL DE *R. MICROPLUS* EN URUGUAY Y BASES BIOLÓGICAS DE LA RESISTENCIA RACIAL

Parodi P.¹, Nuñez de Moraes, S.², Machado M.², Menchaca A.². ¹ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA). Tacuarembó, Uruguay, ² Plataforma de Investigación en Salud Animal, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. pparodi@inia.org.uy.

La garrapata *Rhipicephalus microplus* (garrapata común del bovino) genera importantes pérdidas y creciente resistencia a los acaricidas en toda Latinoamérica y el mundo, destacando a la resistencia genética del hospedador como herramienta clave de control integrado. Se evaluó el impacto de infestaciones artificiales controladas con *R. microplus* en bovinos con diferente base racial: Hereford (*Bos taurus*), Braford y Nelore (*Bos indicus*). El estudio se ejecutó en la Plataforma de Salud Animal de INIA Tacuarembó mediante inoculaciones larvianas semanales. Se cuantificó la carga de teleoginas, su eficiencia reproductiva (peso, oviposición) y parámetros hematológicos y hemodinámicos. Se constataron marcadas diferencias raciales: los animales Nelore registraron una carga parasitaria significativamente menor y una menor capacidad reproductiva de las garrapatas respecto a Braford y Hereford. Crucialmente, las razas índicas demostraron ser sustancialmente más resistentes y menos reactivas a procesos inflamatorios y cambios hemodinámicos que las razas europeas, las cuales exhibieron marcadas alteraciones hematológicas ante la agresión parasitaria. Se concluye que la superioridad genética de *Bos indicus* no solo restringe el éxito biológico del vector, sino que provee una notable estabilidad fisiológica frente al parasitismo. Dilucidar estos mecanismos biológicos resulta fundamental no para sustituir los biotipos tradicionales, sino para generar bases fisiológicas que permitan desarrollar herramientas de mejoramiento y selección por resiliencia en las razas europeas, preservando su excelencia productiva.

AVANCES Y DESAFÍOS EN LA SELECCIÓN GENÓMICA PARA RESISTENCIA A LA GARRAPATA EN BOVINOS DE CARNE: LECCIONES DE 17 AÑOS DE INVESTIGACIÓN

Cardoso F.¹. Brazilian Agricultural Research Corporation (Embrapa), Bagé & Universidade Federal de Pelotas (UFPEl) & Universidade Federal do Pampa (Unipampa). Rio Grande do Sul, Brasil. fernando.cardoso@embrapa.br.

La infestación por la garrapata bovina representa una grave amenaza global que afecta al 80% del ganado, generando pérdidas económicas estimadas entre 20 y 30 mil millones de dólares anuales. Aunque el uso de razas taurinas mejora la calidad de la carne, su viabilidad a gran escala en ambiente tropical se ve limitada debido a la susceptibilidad al calor y a los ectoparásitos. Frente a este desafío, las investigaciones lideradas por Embrapa desde 2009 demuestran la existencia de variabilidad genética para la resistencia a la garrapata. Mediante alianzas público-privadas, se consolidaron poblaciones de referencia fenotipadas y genotipadas (30K–100K) en Brasil, abarcando miles de animales de razas como Braford, Hereford, Angus y Brangus. Además del conteo de garrapatas, se evaluaron caracteres de adaptación como el tipo de pelaje y la pigmentación ocular. La implementación de la selección genómica en una sola etapa (single-step) ha incrementado sustancialmente la precisión de la predicción (hasta un 84% de ganancia en Hereford y Braford), permitiendo comercializar DEPs genómicas desde 2017. Los resultados demuestran que el uso de toros altamente resistentes reduce significativamente las pérdidas de peso vivo y mitiga el impacto financiero en los rebaños. Finalmente, se destaca que la cooperación internacional y el desarrollo de poblaciones de referencia multirraciales globales son fundamentales, dado el alto costo de recolectar datos fenotípicos de adaptación.

BIOÉTICA CLÍNICA Y GENÉTICA MÉDICA

del Rey G.¹, Moya G.². ¹ Ex Centro de Investigaciones Endocrinológicas «Dr César Bergadá». (CEDIE CONICET. F El), Hospital de Niños “R Gutiérrez”, Buenos Aires, Argentina, ² Instituto de Bioética, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Católica de Argentina (UCA), Buenos Aires, Argentina.

Bioética y Genética Médica son campos interdisciplinarios que consideran principios fundamentales de autonomía, beneficencia, no maleficencia y justicia. La transferencia de datos requiere privacidad, seguridad, se garantice el consentimiento informado y, se promueva equidad en el acceso a la atención médica. Las diferencias regionales en la protección de datos son significativas, ya que cada marco regulatorio establece criterios específicos. El potencial de IA para mejorar diagnósticos y tratamientos exige desafíos éticos, relacionados con la privacidad de datos, y controles regulatorios.

LA INVESTIGACIÓN COLABORATIVA NORTE-SUR Y EL RIESGO DE DUMPING ÉTICO

Moya G.¹. ¹ Instituto de Bioética, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Católica de Argentina (UCA). Buenos Aires, Argentina. gracielamoya@uca.edu.ar.

La subrepresentación histórica de las poblaciones latinoamericanas en las bases de datos genómicas internacionales constituye una fuente de inequidad científica y sanitaria. La incorporación de estas poblaciones a grandes proyectos genómicos internacionales representa, por lo tanto, una oportunidad para mejorar el conocimiento sobre la diversidad genética humana y avanzar hacia una medicina de precisión más equitativa. Sin embargo, la incorporación de poblaciones históricamente subrepresentadas no garantiza por sí misma relaciones científicas justas. Cuando la definición de prioridades, el financiamiento, la infraestructura tecnológica, el análisis bioinformático, la custodia de los datos y la apropiación de los resultados permanecen concentrados en instituciones del Norte Global, la investigación colaborativa puede reproducir formas históricas de extractivismo científico. En este contexto, el concepto de ethics dumping permite analizar el riesgo de que investigaciones que enfrentarían mayores restricciones éticas, regulatorias o sociales en los países donde se concentra la capacidad científica y tecnológica sean desarrolladas en contextos con menor capacidad de negociación o con marcos regulatorios fragmentados. En investigación genómica, este riesgo adquiere características particulares debido al carácter identificable, familiar, poblacional y potencialmente reutilizable de los datos y muestras genéticas. La cuestión central consiste entonces en determinar qué condiciones deben cumplirse para que la investigación genómica internacional con poblaciones latinoamericanas constituya una verdadera colaboración científica y no una nueva forma de extracción de recursos biológicos, datos y conocimiento.

PRINCIPIOS DE LA BIOÉTICA EN LA TRANSFERENCIA DE DATOS. SITUACIÓN DE PARAGUAY

Ascurra M.¹. ¹ Centro para el Desarrollo de la Investigación Científica (CEDIC), Asunción, Paraguay. marta.ascurra@gmail.com

La transferencia de datos personales constituye uno de los principales desafíos bioéticos y jurídicos de la transformación digital, particularmente cuando comprende información sanitaria, genética, biométrica o

socioeconómica. Su gestión exige un enfoque centrado en la dignidad humana y los derechos fundamentales, sustentado en los principios de autonomía, privacidad, confidencialidad, justicia, equidad, beneficencia, no maleficencia, transparencia, no discriminación y protección de las personas en situación de vulnerabilidad. En el ámbito internacional, estos principios encuentran respaldo en la Declaración Universal sobre Bioética y Derechos Humanos de la UNESCO (2005) y en la Recomendación sobre la Ética de la Inteligencia Artificial (2021), que incorpora la supervisión humana, la gobernanza responsable de los datos, la transparencia y la protección de los derechos humanos. En Paraguay, la Constitución.

IA EN EL ÁREA DE LA SALUD

Goldim J. R.¹ ¹ Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Escola de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Río Grande del Sur (PUCRS), Porto Alegre, Rio Grande do Sul (RS), Brasil. jrgoldim@gmail.com

El sector sanitario ha incorporado rápidamente nuevas tecnologías, como las herramientas de inteligencia artificial. Sus aplicaciones son múltiples y presentan distintos niveles de complejidad y adecuación. Desde la implementación de nuevas tecnologías para la obtención de imágenes y resultados de pruebas de laboratorio hasta sistemas de toma de decisiones en materia de diagnóstico y tratamiento. El uso de herramientas de inteligencia artificial en el sector sanitario debe tener en cuenta las siguientes características: Beneficio potencial en las áreas de diagnóstico, con mayor precisión y rapidez; tratamiento, con mayor especificidad y eficacia; y gestión de pacientes y recursos; Riesgo de retroceso, por lo que es fundamental evitar la «estupidez artificial», cuando la inteligencia artificial se convierte en una herramienta rígida e ineficaz, incapaz de adaptarse a situaciones complejas; Necesidad de debatir y establecer normas éticas y legales que garanticen el uso de la inteligencia artificial de forma justa y responsable, especialmente en el sector sanitario. La incorporación de nuevas tecnologías siempre genera la necesidad de reflexionar y debatir sobre su idoneidad en términos técnicos, éticos, legales, morales y sociales. Este es el reto actual.

PROTECCIÓN DE DATOS PERSONALES Y GENÉTICA

Santana Fernandes M.¹ ¹ Laboratório de Pesquisa em Bioética e Ética na Ciência (LAPEBEC), Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA). Porto Alegre, Rio Grande do Sul (RS), Brasil. msfernandes@hcpa.edu.br

Investigar los criterios de idoneidad, teniendo en cuenta el marco normativo nacional e internacional en materia de propiedad intelectual, protección de datos personales y derechos humanos, para el uso y el intercambio de datos procedentes de pruebas genéticas de última generación (NGS), en la investigación clínica y la asistencia en el ámbito del cáncer hereditario. Método específico del proyecto de investigación: El método utilizado para la generación, la incorporación y la transferencia de conocimientos incluirá enfoques cualitativos, cuantitativos y mixtos. Los datos de la investigación se catalogarán, organizarán y almacenarán mediante tres programas informáticos: SPSS para el análisis cuantitativo; Nvivo, versión 11, para el análisis cualitativo; y el sistema Mendeley para las referencias utilizadas. Palabras clave: Salud, Cáncer, Genómica, Derecho, Medicina, Bioética compleja, Privacidad y confidencialidad, Propiedad intelectual, Patentes, Derecho de la competencia y Derechos de autor y derechos afines.

SUBREPRESENTACIÓN DE LATINOAMÉRICA EN ESTUDIOS GENÓMICOS INTERNACIONALES Y BASES DE DATOS PÚBLICAS.

Cappetta M.¹, Tarazona Santos E.², Llera A.³, Moreno Estrada A.⁴, Fejerman L.⁵ ¹ Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de la República (UdelaR), Montevideo, Uruguay ² Departamento de Genética, Ecología e Evolução, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Minas Gerais, Brasil ³ Fundación Instituto Leloir (FIL), Buenos Aires, Argentina ⁴ Unidad de Genómica Avanzada, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (CINVESTAV), Irapuato, Guanajuato, México ⁵ Department of Public Health Sciences, School of Medicine, University of California (UC Davis), California, Estados Unidos. monicac@fmed.edu.uy.

Para reducir la brecha de subrepresentación en la genómica global, donde más del 75% de los estudios GWAS se basan en cohortes europeas, países latinoamericanos promovieron iniciativas para descifrar la arquitectura genética de sus poblaciones, caracterizada por un marcado mestizaje. La falta de inclusión en repositorios públicos dificulta identificar variantes únicas de relevancia clínica o con frecuencias alélicas propias de la región. En este contexto, países como México, Brasil, Argentina, Chile, Colombia, Perú y Uruguay abordaron estudios genómicos para caracterizar su población. En Brasil, Genomas SUS proyecta secuenciar 70.000 genomas para incorporar la medicina de precisión al Sistema Único de Salud, según su diversidad poblacional. Con objetivo similar, el Biobanco Mexicano analizó a 6.000 individuos de los 32 estados del país y habilitó el acceso de datos genómicos de importancia biomédica a la comunidad científica. En Argentina, PoblAr establece un biobanco de referencia genómica poblacional y metadatos, sumándose iniciativas médicas como LACRN y REDICAM. Asimismo, consorcios como LatinCells y LAGENO-BC (cáncer de mama) demuestran el impacto positivo de la cooperación regional para investigadores y poblaciones participantes. Desafíos como el financiamiento sostenible, temores éticos, y el poco apoyo de los sistemas de salud son una limitante crítica para expandir los estudios genómicos a toda Latinoamérica. También urge discutir cómo facilitar el acceso de investigadores regionales a datos de proyectos genómicos e iniciativas independientes.

GENÓMICA COMPARATIVA EN PLANTAS

Vaio M.¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR), Montevideo, Uruguay

La genómica ha transformado el estudio de la biología vegetal, aportando nuevas perspectivas sobre la adaptación, la domesticación y la evolución de las plantas. Este simposio reunirá investigadores que emplean enfoques genómicos en especies nativas y cultivadas, abordando aplicaciones en conservación, diversidad y mejoramiento genético. Además, promoverá el intercambio de avances metodológicos y la integración de herramientas bioinformáticas, citogenéticas y experimentales para el estudio de la diversidad vegetal y la evolución de sus genomas.

CITOGENÓMICA EN EL CLADO CYPHOMANDRA (SOLANACEAE)

Sader M. A.¹, Volkov R.², Tynkevych Y.², Vaio M.³, Hoyos D.¹, Urdampilleta J.¹ ¹ Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET, Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Córdoba, Argentina ² Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi, Ucrania ³ Universidad de la República, Uruguay. msader@imbiv.unc.edu.ar.

El clado Cyphomandra, perteneciente al género *Solanum* (Solanaceae), comprende especies caracterizadas por presentar genomas grandes y una elevada proporción de ADN repetitivo. La caracterización de esta fracción genómica, incluyendo los elementos repetitivos dispersos, el ADN satélite y las secuencias de ADN ribosomal, constituye una herramienta relevante para comprender la organización y evolución de estos genomas. En este trabajo se realizó un análisis citogenómico comparativo de ocho especies del clado Cyphomandra: *Solanum betaceum*, *S. confusum*, *S. stuckertii*, *S. glaucophyllum*, *S. amotapense*, *S. sibundoyense*, *S. sciadostylis* y *S. fusiforme*. Mediante el análisis de datos de secuenciación de baja cobertura utilizando RepeatExplorer2, se caracterizó la composición y abundancia de las principales familias de ADN repetitivo, con especial atención a los elementos transponibles, ADN satélite, secuencias ribosomales y SSR.

KARYOTYPE RESTRUCTURING VIA FISSIONS AND FUSIONS MODULATE LTR-RETROTRANSPOSON LANDSCAPE IN HOLOCENTRIC GENOMES

Laforga Vanzela A. L.¹, Parteka L. M.¹, Robledillo L. A.², Borges G. C.¹, Zhang M.², Mata-Sucre Y.², de Assis R.¹, Johnen L.¹, Arantes J. H. B.¹, Blagitz M.¹, Da Silva J. M.¹, Lopes F. M.³, Marques A.² ¹ Laboratório de Citogenética e Diversidade Vegetal, Departamento de Biologia Geral, Centro de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Paraná, Brasil ² Department of Chromosome Biology, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Alemania ³ Departamento de Computação, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Cornélio Procopio, Brasil. andre.vanzela@uel.br.

Monocot species of *Rhynchospora* Vahl (Cyperaceae) feature holocentric chromosomes and display extensive karyotypic variation, with genome sizes spanning a 22-fold range. Transposable elements (TEs) constitute most of the repetitive fraction, showing highly variable accumulation and distribution. Here, we analyzed 20 *Rhynchospora* genomes to investigate how LTR retrotransposons (LTR-RTs) influence genome size and organization. Comparative annotations were performed for complete and non-complete lineages (LARDs, TR-GAGs, and TRIMs), coupled with synteny and chromosomal distribution analyses. Class I retrotransposons dominate the annotated TE fraction, primarily represented by *Copia* (~62%) and *Gypsy* (~20%) superfamilies based on copy numbers. Complete and

potentially autonomous elements were scarce under rigorous search criteria; instead, highly degenerate, non-complete sequences predominated, often expanded by exogenous insertions and microsatellites. Although retrotransposons exhibit a broadly dispersed distribution at the chromosome scale, accumulation patterns vary significantly across species and lineages. Notably, our data align with predictions of the holokinetic drive model: karyotypes reorganized via fission tend to lose repetitive DNA, whereas fusion events and polyploidy are associated with TE proliferation. While genome size correlates positively with TE abundance, our results reveal that these trends are lineage-specific and modulated by each genome's structural history. Further studies are required to estimate insertion age to determine whether differential TE activity preceded chromosomal rearrangements, as well as to evaluate alternative drivers, such as recombination-mediated purging and lineage-specific silencing.

OLIGO-BASED CHROMOSOMAL IDENTIFICATION AND CYTOGENOMIC DYNAMICS IN SPECIES AND HYBRIDS OF THE BRASSICA GENUS

Báez M.¹, Mann L.², Ramtekey V.², Nyarko C. A.², Heitkam T.², Mason A. S.^{2,1} ¹ Department of Plant Breeding, University of Bonn, Bonn, Alemania ² Institute of Biology I, RWTH Aachen University / INRES, University of Bonn / Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Aachen & Cologne, Alemania. mbaez@uni-bonn.de.

Brassica species are high importance crops with complex genomic relationships carrying small, poorly differentiated chromosomes that represent a challenge for analysis. *Brassica* diploids have AA, BB, and CC genomes, whereas allopolyploids can occur in different subgenome combinations. During interspecific hybridization, frequently used for crop improvement, chromosome fragments are often exchanged, potentially impacting crop traits. Hence, the ability to produce chromosome karyotypes for individual plants is highly desirable. We developed molecular cytogenetics probes designed from unique regions identified from genomic sequence data to differentiate each chromosome pair from A, B and C subgenomes. Specifically, we tested the highly similar (homoeologous) A01 and C1 chromosomes, which undergo frequent exchanges and translocation events in *Brassica* hybrids, identifying unique signals for A01 and C1 painting probes in different *Brassica* diploids, tetraploids and hexaploids individuals. Moreover, these paints identified A01/C1 translocations in tetraploid and allohexaploid backgrounds, as well as, identified non-homologous chromosome pairing involving the *Brassica* A and C genomes and assist to confirmed unreduced gamete production following interspecific hybridization events. Our subgenome-specific and chromosome-specific cytogenetic tool may help to uncover rearranged fragments, chromosome pairing behaviors involving the *Brassica* A, B and C genomes, and help to unravel the complex dynamics between the highly agronomically relevant *Brassica* crop genomes.

GENOTOXICOLOGÍA Y SALUD GLOBAL: DEL LABORATORIO A LA VIGILANCIA AMBIENTAL Y SANITARIA

Seoane A.¹ Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), Facultad de Ciencias Veterinarias (FCV), Universidad Nacional de La Plata (UNLP-CONICET), La Plata, Argentina.

En el contexto de la salud global, la genotoxicología adquiere un rol estratégico, ya que el abordaje de los riesgos asociados a la exposición a contaminantes requiere contemplar la interdependencia entre humanos, animales y ecosistemas. El simposio propone revisar las aplicaciones de las metodologías genotoxicológicas actuales en distintos niveles biológicos y su importancia para fortalecer estrategias de vigilancia sanitaria y ambiental, subrayando su contribución al entendimiento y la gestión de los desafíos emergentes en el marco de la salud global.

ANÁLISIS DE GENOTOXICIDAD EN UN PROGRAMA DE CALIDAD DE AGUA PARA EL GANADO URUGUAYO

Martínez López W.¹, Reyes A. L.¹, Mechoso B.¹, Miguez D.² ¹ Departamento de Genética y Servicio de Biodosimetría, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay ² Latitud, Laboratorio Tecnológico del Uruguay (LATU), Montevideo, Uruguay. wilnermartinezlopez@gmail.com.

En el marco de un Programa de Gestión Ambiental llevado a cabo entre el INIA y el LATU (Proyecto FPTA N°435), promoviendo la gestión sostenible del agua en sistemas de ganadería extensiva para minimizar los efectos negativos de la contaminación ambiental, se están evaluando los posibles efectos genotóxicos, a través de un Análisis Citogenético Integrado llevado a cabo en el IIBCE, aplicando el Ensayo BMCyt en muestras de células de la mucosa bucal de ganado ovino y bovino de predios agropecuarios con ganadería extensiva. Hasta la fecha se llevan analizadas 10 muestras de bovinos que beben agua de pozo y poseen una dieta basada en campo natural + alfalfa + un bloque proteinado; 11 muestras de ovinos que beben agua de abrevaderos y consumen raigrás + llantén forrajero; y 10 ovinos de referencia mantenidos bajo condiciones controladas (agua de OSE y se alimentan con leche materna + campo natural + lotus). Con los resultados obtenidos del Ensayo BMCyt en las muestras de mucosa bucal se realizó un Análisis de Componentes Principales que mostró que los individuos del grupo control presentan scores de PC1 (componente principal 1) fuertemente negativos (-1,5 a -0,5), evidenciando una estabilidad genómica; mientras que los bovinos que beben agua de pozo mostraron puntuaciones de PC1 severamente elevadas (+0,2 a +2,1), sugiriendo una exposición continua a agentes xenobióticos. La aplicación del ensayo BMCyt, junto a la herramienta estadística de Análisis de Componentes Principales, permitirá conocer el nivel de exposición a agentes potencialmente genotóxicos en el ganado uruguayo.

EXPOSSOMA E COVID PERSISTENTE: INTERAÇÕES ENTRE GENOTOXICIDADE, INFLAMAÇÃO E NUTRIÇÃO

da Silva J.¹ Universidade La Salle & Universidade Luterana do Brasil, Canoas, Río Grande do Sul, Brasil. juliana.silva@unilasalle.edu.br.

COVID persistente representa um importante desafio para a saúde pública, caracterizando-se pela persistência ou surgimento de sintomas após a fase aguda da infecção por SARS-CoV-2. Embora seus mecanismos fisiopatológicos

ainda não estejam completamente elucidados, evidências indicam a participação integrada de inflamação persistente, estresse oxidativo, alterações metabólicas, disfunção imunológica e instabilidade genômica. Nesse contexto, a abordagem expossoma permite compreender como fatores ambientais, comportamentais, sociais e nutricionais, ao longo da vida, podem interagir com características individuais e influenciar a resposta à infecção e a evolução para a COVID persistente. Neste contexto, serão discutidos alguns resultados de nossas pesquisas sobre as interações entre exposição ambiental, genotoxicidade, inflamação e estado nutricional na COVID persistente. Serão abordados biomarcadores de dano ao DNA e instabilidade genômica, bem como suas relações com marcadores inflamatórios e de estresse oxidativo. Também será explorado o papel da alimentação e dos nutrientes, com ênfase nos ácidos graxos ômega-3. A integração destas dimensões contribui para uma compreensão mais abrangente da heterogeneidade clínica da COVID persistente e pode auxiliar na identificação de biomarcadores de susceptibilidade e prognóstico. Além disso, essa abordagem reforça a importância de estratégias preventivas e terapêuticas que considerem não apenas a infecção viral, mas também as interações entre ambiente, estilo de vida, nutrição e mecanismos celulares envolvidos na manutenção da doença

GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR PLAGUICIDAS EN ORGANISMOS MODELO NO-CONVENCIONALES: HACIA UNA COMPRESIÓN INTEGRAL DEL RIESGO ECOTOXICOLÓGICO

Soloneski S.¹, Ruiz de Arcaute C.¹, Laborde M. R. R.¹, Cardascia F.¹, Raffin Casanave M.¹, Pérez Ponce M.¹, Cabaleiro M.^{1,1} Unidad de Genética Toxicológica y Ecotoxicología (GeToxE), Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, Argentina. ssoloneski@yahoo.com.ar.

Los plaguicidas son compuestos ubicuos que actúan como potentes contaminantes ambientales. Su uso intensivo genera múltiples problemáticas tales como pérdida de biodiversidad, impactos sobre la salud pública y degradación ambiental, situación que se ve agravada por los efectos del cambio climático. En este trabajo se presenta un análisis integrado de efectos geno-ecotoxicológicos en especies nativas representativas de ecosistemas acuáticos pampeanos. Se evaluaron formulaciones comerciales de plaguicidas en base a 2,4-D, lambdacialotrina (LCT), imidacloprid (IMI) y prometrina (PRO), mediante estudios de genotoxicidad y alteraciones del balance oxidativo. En adultos de *Cnesterodon decemmaculatus* se analizaron los formulados DMA® (58,4 % 2,4-D) y Punto 35® (30 % IMI), mientras que en larvas de *Rhinella arenarum* se evaluaron Karate® (25 % LCT) y Prometrex FW® (50 % PRO) durante 48 y 96 h de exposición. Como biomarcadores de efecto se usó el ensayo de micronúcleos, el ensayo cometa y cambios en los niveles de catalasa, glutatión-S-transferasa, glutatión reducido y acetilcolinesterasa. Los resultados obtenidos demuestran que las formulaciones inducen efectos genotóxicos significativos, incluso a concentraciones relevantes para el ambiente. Estos hallazgos confirman y amplían la evidencia existente acerca de los efectos adversos de los plaguicidas ampliamente utilizados en la agricultura moderna, resaltando que los organismos no blanco pueden verse significativamente afectados aun cuando dichos productos sean considerados seguros bajo las condiciones de uso recomendadas.

CAMBIO CLIMÁTICO, ESTRÉS PSICOLÓGICO Y GENOTOXICIDAD: IMPACTOS SOBRE LA SALUD HUMANA

Rabaioli da Silva F.¹, Pereira Antunes Garzlaff V.¹, Brauwiers Kubiaki C.¹, Torres J.¹, Menezes Boaretto F.¹, Bolzan C.¹, Da Silva J.^{2,1} Programa de Pós-graduação em Saúde e Desenvolvimento Humano, Universidade La Salle, Canoas, Brasil ² Programa de Pós-graduação em Genética e Biologia Molecular, Universidade La Salle, Porto Alegre, Brasil. fernanda.silva@unilasalle.edu.br.

Las inundaciones asociadas al cambio climático generan exposiciones ambientales y estresores psicosociales capaces de afectar la salud mental y la regulación fisiológica. La carga alostática (CA) constituye un marcador del desgaste fisiológico acumulado frente al estrés crónico, mientras que el ensayo Cometa permite evaluar daño al ADN. Este estudio integró resultados preliminares de individuos afectados por las inundaciones de 2024 en Canoas, Brasil, con el objetivo de evaluar la relación entre impacto psicológico, síntomas postraumáticos, síntomas depresivos, CA y daño al ADN. Participaron 103 individuos en los análisis de impacto psicológico (PSY), trastorno de estrés postraumático (TEPT) y CA, y 96 en el análisis de CA y síntomas depresivos. La CA se estimó mediante biomarcadores sanguíneos. El PSY presentó correlación positiva con el TEPT ($\rho=0,364$; $p<0,001$), sin asociaciones significativas con CA ($\rho=0,134$; $p=0,176$) ni entre TEPT y CA ($\rho=-0,179$; $p=0,073$). Tampoco se observaron correlaciones significativas entre CA y PHQ-9 ($p>0,05$), aunque el subsistema cardiometabólico difirió entre categorías de severidad depresiva ($p=0,046$), sin patrón dosis-respuesta. En la regresión lineal, la CA estandarizada se asoció inversamente con el logaritmo del Escore Cometa + 1 ($\beta=-0,478$; $p=0,024$), ajustado por edad, sexo y síntomas depresivos. Estos hallazgos evidencian repercusión psicológica de las inundaciones y una relación compleja entre estrés, regulación fisiológica y estabilidad genética, que requiere estudios longitudinales y muestras mayores.

EL ROL DE LA CITOGENÓMICA EN ONCO-HEMATOLOGÍA

Leone P.¹, Sanguinetti A.^{2,1} Sociedad de Lucha Contra el Cáncer (SOLCA), Quito, Ecuador ² Laboratorio de Diagnóstico Citogenético Hematológico, Montevideo, Uruguay.

Este simposio abordará el papel de la citogenómica en las principales neoplasias linfoides, destacando su impacto en el diagnóstico, la estratificación pronóstica y la medicina de precisión. Se revisarán los mecanismos de heterogeneidad genética del mieloma múltiple, la evolución de las herramientas diagnósticas desde la citogenética convencional hasta las tecnologías genómicas en leucemia linfocítica crónica, y las aplicaciones de la citogenómica en la caracterización de la leucemia linfoblástica aguda pediátrica de células B, resaltando su utilidad clínica.

CITOGENÓMICA EN LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA PEDIÁTRICA DE CÉLULAS B

Tirado C. A.^{1,1} Laboratorio de Citogenética, Departamento de Patología, Stony Brook University (SBU), Nueva York, Estados Unidos. Carlos.Tirado@stonybrookmedicine.edu.

In the pediatric population, B-Acute Lymphoblastic Leukemia (B-ALL) accounts for 81% of childhood leukemias; leukemia overall accounts for one third of cancers diagnosed in children between ages 0–14 years. In the United States, the majority of B-ALL cases occur in ages 1–4, with an incidence rate in this group of 8 per 100,000, and preponderance for males over females. The long-term rates of event-free survival (EFS) for childhood B-ALL approach 90%, although infants are associated with poorer prognosis and lower EFS rates. This talk will discuss our current understanding of childhood B-ALL and highlight recent genetic advances and their therapeutic implications. Genetic classification of B-ALL is paramount for risk stratification and in treatment evaluation, especially within the context of clinical trial enrollment. At the forefront of pediatric oncologic research is the Children's Oncology Group (COG) in North America, as well as the International Berlin-Frankfurt-Münster (BFM) Study Group in Europe, whose work has played a significant role in disease-specific research and therapeutic developments. Treatment protocols, including clinical trials, are the mainstay treatment for children with hematological and solid tumor malignancies. Cytogenetics advances of B-ALL have led to the discovery of numerous additional genetic changes, including mutations involving key cellular pathways in lymphoid development, tumor suppression, and cell cycle regulation. Uncovering the prognostic significance of these genetic aberrations is fundamental for risk stratification and ultimately individualized treatment.

NAVEGANDO LA LEUCEMIA LINFOCÍTICA CRÓNICA. DE LA CITOGENÉTICA A LAS TÉCNICAS DE ÚLTIMA GENERACIÓN

Slavutsky I.^{1,1} Laboratorio Genética de Neoplasias Linfoides, Instituto de Medicina Experimental (IMEX), CONICET, Academia Nacional de Medicina, Buenos Aires, Argentina. islavutsky@hotmail.com.

La leucemia linfocítica crónica (LLC) es la leucemia más frecuente en occidente. Se caracteriza por la proliferación clonal y acumulación de linfocitos B maduros CD5 positivos en sangre periférica, médula ósea, órganos linfoides y bazo. Presenta una evolución clínica altamente variable, con pacientes que muestran larga sobrevida con poco requerimiento terapéutico y otros que tienen rápida progresión de la enfermedad, a pesar de los tratamientos

específicos. Los sistemas de estadificación y los parámetros biológicos disponibles actualmente no son suficientes para predecir la variabilidad clínica observada. En este aspecto, los estudios genéticos constituyen herramientas de suma utilidad en la comprensión de la heterogeneidad que caracteriza a la LLC, resultando de relevancia por sus implicancias en el diagnóstico, pronóstico y respuesta al tratamiento. Entre ellos, los estudios citogenéticos y citomoleculares han hecho factible establecer grupos de riesgo de alto valor pronóstico. Asimismo, las mutaciones en los genes de IGHV (*immunoglobulin heavy variable*) permitieron dividir a esta entidad en dos grandes grupos acorde al nivel de homología respecto a la línea germinal, con relevante significado clínico. Más recientemente, estudios de secuenciación de última generación (NGS; *Next generation sequencing*) han hecho factible la detección de mutaciones somáticas previamente desconocidas en la LLC, que sustentan, en parte, el diferente comportamiento de la patología y las respuestas disímiles a la terapia. La profundización de estos estudios permitirá lograr una más certera delineación de los grupos de riesgo, así como avanzar en la detección de pacientes de comportamiento indolente y agresivo en estadios iniciales de la enfermedad.

¿MIELOMA MÚLTIPLE O MÚLTIPLES MIELOMAS? CUANDO LA DIVERSIDAD MANDA

Stella F.¹, Zurita S.², Galvano C.³, Rodríguez Huck F.¹, Mármora S.¹, Zárate S.¹, Slavutsky I.^{3,1} Escuela Superior de Ciencias Exactas y Naturales (ESCEyN), Universidad de Morón (UM), Buenos Aires, Argentina ² Sección Genética, Servicio de Anatomía Patológica, Hospital Profesor A. Posadas, Argentina ³ Instituto de Medicina Experimental (IMEX), CONICET, Academia Nacional de Medicina, Buenos Aires, Argentina. fla_stella@yahoo.com.ar.

El mieloma múltiple (MM) es una neoplasia de células plasmáticas y constituye la segunda neoplasia hematológica más frecuente a nivel mundial. Durante la última década, se han producido importantes avances en su caracterización molecular mediante la incorporación de tecnologías como la secuenciación masiva y el mapeo óptico del genoma. Como en otros procesos tumorales, el desarrollo del MM comienza con un desequilibrio fundamental: la activación de oncogenes que promueven la proliferación celular descontrolada y/o la inactivación de genes supresores tumorales, suprimiendo los mecanismos de control del ciclo celular y de reparación del ADN. La transformación neoplásica también se acompaña de alteraciones en el orden temporal de replicación de genes, generando asincronía replicativa, y de fenómenos de inestabilidad genómica. Son evidencia de ello las translocaciones saltarinas, la hipermutación tipo Kataegis y los eventos de inestabilidad masiva como la cromosomogénesis. Adicionalmente, el MM presenta una marcada heterogeneidad tumoral, tanto intra como inter paciente, superior a la observada en otras neoplasias hematológicas. Esta complejidad comprende cientos de mutaciones en decenas de genes y múltiples reordenamientos cromosómicos, pudiendo coexistir diversos subclones neoplásicos intra-tumorales en un mismo paciente, junto con heterogeneidad espacial. La frecuencia de estos subclones varía según la etapa de la enfermedad, el tratamiento recibido y el sitio anatómico afectado, con impacto directo sobre la estratificación pronóstica y la selección terapéutica. Actualmente, la detección de la heterogeneidad citogenética y molecular constituye uno de los factores más relevantes para establecer categorías de riesgo y desarrollar estrategias terapéuticas personalizadas en el MM.

UNA MIRADA ANTROPOLÓGICA DE LAS POBLACIONES LATINOAMERICANAS ANTIGUAS: APORTES DESDE LA PALEOGENÓMICA

Bertoni B.¹, Padula G.² ¹ Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de la República (UdelAR), Montevideo, Uruguay ² Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP-CONICET), La Plata, Argentina. claucorbi@gmail.com.

El simposio tiene por objetivo presentar los resultados obtenidos en paleogenómica por prestigiosos investigadores de la región. La paleogenómica, mediante la secuenciación de ADN antiguo (ADNa) extraído de restos arqueológicos, ha transformado la capacidad para estudiar el pasado humano permitiendo obtener datos genéticos a escala genómica, superando así las limitaciones de los métodos tradicionales. Comprender la historia genética de las poblaciones antiguas proporciona el contexto necesario para entender la compleja diversidad biológica y cultural de las poblaciones latinoamericanas contemporáneas.

CONTINUIDAD GENÉTICA DE 8.500 AÑOS EN EL CONO SUR REVELADOS MEDIANTE EL ANÁLISIS DE GENOMAS ANTIGUOS

Nores R.¹, Maravall-López J.², Motti J. M. B.³, Pastór N.¹, Cabana G.⁴, Reich D.² ¹ Instituto de Antropología de Córdoba, CONICET, Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Córdoba, Argentina ² Harvard University / Broad Institute of MIT and Harvard / Harvard Medical School, Estados Unidos ³ Laboratorio de Ecología Evolutiva Humana, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, CONICET, Argentina ⁴ Department of Anthropology, University of Tennessee, Knoxville, Estados Unidos. rodrigonores@ffyh.unc.edu.ar.

El Cono Sur de Sudamérica alberga una compleja historia poblacional que la paleogenómica está contribuyendo a esclarecer. En esta presentación expondremos resultados obtenidos del análisis genómico de 238 individuos antiguos de la región, revelando una estructuración poblacional que ya era evidente hace unos 10.000 años. El eje del trabajo es el hallazgo de un linaje genético no documentado previamente, cuyo registro más antiguo corresponde a un individuo de 8.500 años de antigüedad hallado en la provincia de Córdoba. Esta ascendencia originaria del Centro de Argentina muestra una notable continuidad ininterrumpida que persiste en las poblaciones actuales. Además, demostraremos cómo este componente fue clave en tres dinámicas de flujo génico regional: hacia la Región Pampeana (donde se volvió predominante hace unos 800 años), hacia el Noroeste Argentino (interactuando con linajes de los Andes Centrales) y hacia el Gran Chaco (mezclándose con poblaciones de bosques tropicales y subtropicales). Estos hallazgos, logrados en el marco de estrechas colaboraciones internacionales, transforman nuestra comprensión de la historia evolutiva en Sudamérica. Sin embargo, también nos plantean un desafío fundamental para el desarrollo de la disciplina a nivel local y regional: avanzar hacia la soberanía científica. Fortalecer nuestras propias capacidades de investigación en América Latina será clave para que los futuros estudios sobre nuestra historia genómica sean liderados directamente desde la región.

UNA PERSPECTIVA BIOARQUEOLÓGICA Y GENÉTICA DE LA DIVERSIDAD HUMANA EN URUGUAY

Figueiro G.^{1,1} Departamento de Antropología Biológica, Facultad de Humanidades y Ciencias de la Educación (FHCE), Universidad de la República (Udelar), Montevideo, Uruguay. gonzalo.figueiro@fhce.edu.uy.

En Uruguay, las poblaciones humanas prehispánicas se dividen entre regiones oriental y occidental, con diferencias tanto en el registro arqueológico como en sus características físicas y trayectorias de vida. Mientras que las poblaciones del este se vinculan a los "cerritos" de esta región y el sur de Brasil, las poblaciones del oeste se vinculan con el delta del río Paraná y se distinguen del este en morfología, dimorfismo sexual y alimentación. Hasta tiempos recientes, eran escasos o nulos los datos genéticos y genómicos que permitieran discutir hasta qué punto las diferencias observadas en el registro arqueológico se vinculaban con divergencias en sus trayectorias evolutivas. En este trabajo se realiza un intento de efectuar una integración cualitativa de la información genética con la información arqueológica y esquelética de estas poblaciones. Se concluye que, si bien no debe descartarse el contacto entre las poblaciones del este y el oeste de Uruguay, sus características reflejan movilidad geográfica y afinidades poblacionales con vecinos inmediatos, confirmando las similitudes observadas en el registro arqueológico. Por otra parte, se distingue en el este un componente costero, que muy probablemente constituye una población afín o común a la representada en los "cerritos". Finalmente, las poblaciones del oeste presentan claras adaptaciones comunes con las de la orilla opuesta del Río Uruguay, pero es discutible hasta qué punto se trata de la misma población o son poblaciones distintas con más intercambios culturales que genéticos.

PROCESOS Y VARIACIÓN POBLACIONAL EN LA COSTA PACÍFICA DEL CONO SUR DESDE UNA PERSPECTIVA PALEOGENÓMICA

de la Fuente Castro C.¹, Raghavan M.², Orellana M.³, Retamal R.¹, González P.⁴, Pacheco A.⁵, Pavlovic D.⁶, Verdugo R.¹, Moraga M.^{1,1} Universidad de Chile, Núcleo Interdisciplinario de Biología y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina / Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Santiago, Chile ² Department of Human Genetics, University of Chicago, Estados Unidos ³ Department of Anthropology, University of Colorado Boulder, Estados Unidos ⁴ Proyecto Rescate Arqueológico El Olivar, Fundación El Oliva, Chile ⁵ Bioarchaeology Research Group, Durham University, Reino Unido ⁶ CIEM Aconcagua, Argentina. delafuentec@uchile.cl.

El Olivar, en la costa semiárida de Chile, es uno de los cementerios arqueológicos más grandes del país: abarca casi 400 años desde el 1100 DC y presenta material cultural asociado a desarrollos locales Ánimas y Diaguita, así como al Inka. Su heterogeneidad contextual lo convierte en un escenario privilegiado para preguntar si la diversidad cultural observada en el registro arqueológico se corresponde con diversidad biológica. Generamos datos genómicos de 25 individuos del sitio, con profundidades de cobertura entre 0,027x y 3,7x, y evaluamos sus relaciones a escala local y su variación en un contexto sudamericano. Identificamos 12 individuos emparentados hasta segundo grado, la mayoría de los cuales comparte el mismo linaje mitocondrial; sin embargo, sus contextos funerarios son marcadamente diversos, de modo que la variabilidad cultural del cementerio no se traduce en estructura genética. A escala continental, la mayoría de los individuos presenta afinidades genéticas homogéneas, con mayor cercanía a poblaciones actuales del centro-sur de Chile. Entre los individuos antiguos, la mayor afinidad se observa con un individuo de 5.100 años de la misma región, lo que indica continuidad genética de larga data en la costa. Al modelar la ancestría genética en el sitio se recupera, además, un aporte asociado a poblaciones del Noroeste y Centro de Argentina, consistente con interacciones transandinas. Nuestros resultados permiten evaluar las dinámicas demográficas de un sitio clave y amplían el conocimiento de la variación genética regional previa al contacto europeo.

GENOMAS CRONISTAS: LOS PROTAGONISTAS Y TESTIGOS DE LA EVOLUCIÓN DE LAS ESPECIES

García M. V.^{1,1} Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Instituto de Biología Subtropical (UNaM–CONICET), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Argentina.

Los diferentes procesos microevolutivos como así también los eventos demográficos impactan sobre los genomas, con lo cual su estudio nos cuenta la historia evolutiva y demográfica de las poblaciones. Este simposio propone considerar a los genomas no solo como fuentes de información, sino también como cronistas que revelan, a distintas escalas, la historia evolutiva de las especies y de los ambientes que ellas habitan abordando estudios genómicos en invertebrados de agua dulce, anfibios, peces y especies vegetales nativas de Sudamérica.

PANGENÔMICA DAS RADIAÇÕES ADAPTATIVAS DE JOANAS (CICHLIDAE: *CRENICICHLA*), UM EXPERIMENTO NATURAL REPLICADO DE ESPECIAÇÃO

Henning F.^{1,1} Departamento de Genética, Instituto de Biologia, Universidade Federal de Rio de Janeiro (UFRJ), Brasil. fhenning@acd.ufrj.br.

Compreender as bases genéticas do processo de especiação é uma das tarefas centrais da biologia evolutiva. Dados genômicos oferecem uma oportunidade única para testar algumas das principais hipóteses relacionadas à origem de novas espécies: qual a relação entre os processos evolutivos e a arquitetura genética que permite a origem de novas espécies, mesmo com fluxo gênico. No entanto, até recentemente, as análises genômicas não possuíam capacidade de detectar variação estrutural, uma das principais bases moleculares para a variação genética em populações naturais. O grupo de peixes ciclídeos de água doce conhecidos localmente como joanas (gênero *Crenicichla*) oferece uma oportunidade única para investigar esses processos. Consiste em um sistema onde ocorreu a origem de radiações adaptativas de forma replicada e recente, possui níveis variáveis de fluxo gênico e hibridização, e traços com bases genéticas e implicações ecológicas rastreáveis. Para investigar essas questões, nós inicialmente construímos um genoma de referência completo para múltiplas espécies de *Crenicichla* e aplicamos métodos de sequenciamento populacional com leituras longas, aliados a dados ecológicos e comportamentais. Nossos resultados ilustram o paralelismo ecomorfológico das duas radiações adaptativas, onde suítes de características tróficas repetidamente surgiram e deram origem a novas espécies. Os níveis de fluxo gênico entre e dentro espécies variam e há evidências de localidades onde eventos massivos de hibridação deram origem a pelo menos uma nova espécie.

ECOS DEL PASADO EN EL GENOMA: HISTORIA EVOLUTIVA DE LA RANITA LLORONA *PHYSALAEMUS BILIGONIGERUS* (ANURA: LEPTODACTYLIDAE)

Schneider R.¹, Borteiro C.², Kolenc F.², Malleret M.³, Haddad C. F. B.⁴, Basso N.⁵, Brusquett F.⁶, Baldo D.³, Camargo A.^{1,1} CENUR Noreste, Universidad de la República (UdelaR), Rivera, Uruguay ² Sección Herpetología, Museo Nacional de Historia Natural, Montevideo, Uruguay ³ Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical (CONICET–UNaM), Posadas, Argentina ⁴ Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro,

Brasil ⁵ Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET), Puerto Madryn, Argentina ⁶ Instituto de Investigación Biológica del Paraguay, Asunción, Paraguay. rosioschneider@gmail.com.

Physalaemus biligonigerus es un anuro ampliamente distribuido en distintas ecorregiones del sur de Sudamérica. Su extensa distribución y marcada variabilidad morfológica sugieren una historia evolutiva compleja, asociada a los procesos históricos y ambientales que han modelado los paisajes del sur de Sudamérica. El objetivo de este trabajo fue reconstruir los procesos históricos que modelaron su diversificación integrando datos mitocondriales (COI y 16S) y genómicos (SNPs obtenidos mediante ddRADseq). Los datos mitocondriales revelaron elevada diversidad genética ($H_d=0,929$; $\pi=0,01279$) y marcada estructuración geográfica, con seis grupos identificados mediante GENELAND. La datación situó el inicio de la diversificación en el Plioceno ($\sim 4,36$ Ma), mientras que los principales linajes mitocondriales se diversificaron durante el Pleistoceno (<2 Ma). Los datos genómicos también evidenciaron estructuración espacial: STRUCTURE favoreció $K=3$ y detectó individuos con ancestría mixta. El análisis de Superficies de Migración Efectiva Estimada (EEMS) reveló un paisaje heterogéneo de conectividad, con una extensa región de migración efectiva reducida en el eje Paraguay–noreste de Argentina, cuya correspondencia con límites recuperados por GENELAND sugiere que los ríos Paraná y Paraguay podrían haber restringido la conectividad entre poblaciones. En conjunto, los resultados revelan una historia evolutiva compleja, iniciada en el Plioceno y posteriormente moldeada por fluctuaciones climáticas pleistocénicas, barreras hidrográficas y cambios históricos en la conectividad entre poblaciones.

DIVERSIDAD Y CONECTIVIDAD DE INVERTEBRADOS DE AGUA DULCE EN EL SUR SUDAMERICANO Y ANTÁRTICA: LECCIONES PARA GENÓMICA DE LA CONSERVACIÓN

Maturana C.¹, Bernal-Durán V.², Grañán M.³, Lagos A.², Valladares M.⁴, Schwob G.⁵, Poulin E.³, Convey P.⁶, Contador T.¹ ¹ Cape Horn International Center (CHIC), Universidad de Magallanes, Puerto Williams, Chile ² Millennium Institute Biodiversity of Antarctic and Subantarctic Ecosystems (BASE), Chile ³ University of Barcelona / BASE / CHIC, España ⁴ Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile ⁵ Université Claude Bernard Lyon 1, Francia ⁶ British Antarctic Survey (BAS), Cambridge, Reino Unido. claudiamaturana@ug.uchile.cl.

La presentación aborda la biogeografía histórica, la estructura genética y la conectividad poblacional de la fauna dulceacuícola antártica y subantártica, estudiando al copépodo *Boeckella poppei* (y al género *Boeckella*), al anostráceo *Branchinecta gaini* y al quironómido *Parochlus steinenii*. La cobertura geográfica abarca el Arco de Escocia completo, desde el sur de Sudamérica, Islas Malvinas, Georgias del Sur, Orcadas y Shetland del Sur, Península Antártica y Antártica continental. Los hallazgos convergen en tres ejes: 1) fuerte estructuración filogeográfica y aislamiento por distancia entre regiones, con diferenciación significativa incluso a pequeña escala; 2) historias demográficas contrastantes, con expansión postglacial en Georgias del Sur y Antártica, frente a un tamaño poblacional más estable en Sudamérica y 3) evidencia de que los linajes antárticos actuales derivan de recolonización pleistocénica (post- Último Máximo Glacial) desde refugios sudamericanos, más que de persistencia de linajes ancestrales. Los resultados revelan conectividad limitada y alta vulnerabilidad frente al cambio climático, debido a la posible pérdida de alelos únicos de una región altamente impactada por el aumento de la temperatura. Modelamos la proyección de una pérdida de hábitat en la región subantártica y en el sur de Sudamérica, y de una expansión en regiones antárticas. Ello sustenta la necesidad de estrategias de conservación específicas por región, integrando enfoques genéticos y de modelado ecológico para anticipar la respuesta de la biota antártica al calentamiento proyectado.

VARIABILIDAD GENÓMICA EN ESPECIES FRUTALES DE MIRTÁCEAS: POTENCIALIDAD PARA SU USO PRODUCTIVO EN MISIONES (ARGENTINA)

Barrandeguy M. E.¹, Goncalvez A. L.¹, López Hermann F. A.¹, Troche N.¹, García M. V.^{1,1} Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Instituto de Biología Subtropical (UNaM–CONICET), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Argentina. ebarran@fceqyn.unam.edu.ar.

La familia Myrtaceae con aproximadamente 2700 especies es un componente clave de la excepcionalmente diversa flora neotropical y presenta una taxonomía compleja. El acceso a secuenciación con elevado rendimiento y bajo costo permite explorar genomas nativos para comprender los mecanismos que subyacen a la expresión génica, así como generar recursos genómicos destinados al análisis de la diversidad genética y al mejoramiento asistido por marcadores. Se analizó la variabilidad genómica de especies frutales nativas de Misiones de la familia Myrtaceae: *Eugenia uniflora*, *Eugenia involucrata*, *Plinia peruviana*, *Campomanesia xanthocarpa* y *Psidium guajava*. Los frutos de estas especies presentan valor nutricional y nutraceutico y se consumen principalmente como fruta fresca o en productos elaborados. Sin embargo, en Misiones su aprovechamiento está en manos de la comunidad local y de pequeños productores rurales. A partir del presente estudio se identificó diversidad genética intraespecífica, divergencia interespecífica y genes exclusivos en cada especie, junto con una elevada variabilidad local lo cual constituye un recurso valioso para la identificación y estudio de caracteres de importancia productiva.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE PASTURAS PARA MITIGAR LOS EFECTOS DEL CAMBIO CLIMÁTICO

Tomás M. A.¹, Do Canto J.^{2,1} IdICaL (INTA-CONICET), Santa Fe, Argentina ² Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Programa Nacional de Pasturas y Forrajes, Tacuarembó, Uruguay.

El mejoramiento genético de pasturas es una herramienta clave para favorecer la adaptación de los sistemas ganaderos. A los objetivos tradicionales de mejoramiento de especies forrajeras se suma el de brindar servicios ecosistémicos. Así, frente a los desafíos impuestos por el cambio climático, se busca obtener forrajes capaces de contribuir a su mitigación mediante selección. Se presentarán estrategias utilizadas en Latinoamérica para el mejoramiento de pasturas capaces de aumentar el secuestro de carbono, reducir la emisión de óxido nitroso y tolerar sequías extremas.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE FORRAJERAS TROPICALES PARA LA ADAPTACIÓN Y MITIGACIÓN AL CAMBIO CLIMÁTICO EN SISTEMAS DE BASE PASTORIL

Jauregui R. N.^{1,1} The Alliance of Bioversity International and CIAT, Cali, Colombia. r.jauregui@cgiar.org.

The development of apomictic tropical forages at the Alliance of Bioversity International and CIAT began in the late 1980s. The overarching aim of the breeding program has been, and continues to be, to contribute to global food security by developing forage cultivars adapted to tropical and subtropical environments, with a particular focus on smallholder livestock producers in the Global South. Since the release of its first apomictic hybrid in 2001, the program has delivered cultivars that meet the growing demand of livestock farmers, emphasizing tolerance to biotic stresses, high productivity, and adaptation to and mitigation of climate change. To date, the tropical forages breeding program continues to prioritize traits that enhance productivity, resilience, and environmental sustainability. In the context of increasingly frequent extreme climate events, improving drought and waterlogging tolerance, together with water-use efficiency, remains a central objective. In addition, the program screens for root architecture and nutrient acquisition efficiency to enhance adaptation to low pH and low-fertility soils with high aluminum and iron concentrations. Traits related to climate-change mitigation are also being evaluated to develop cultivars with greater carbon sequestration capacity and reduced enteric methane emissions from ruminant livestock. New tropical forage cultivars can be integrated into silvopastoral systems, crop rotations, and smallholder farming systems to enhance ecosystem services, improve soil fertility, and reduce the environmental footprint of livestock production.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE RIZOBIOS PARA UNA AGRICULTURA SUSTENTABLE

Brambilla S. M.¹, Serantes M. L.¹, Pascuan C.¹, Cardillo M. E.¹, Odorizzi A.², Prugna J.², Arolfo V.², Padula L.¹, Gortari M.³, Ruíz O.³, Soto G.¹, Ayub N.^{1,1} Instituto de Genética "Ewald A. Favret", IABiMo, INTA-CONICET, Castelar, Argentina ² EEA INTA Manfredi, Argentina ³ Instituto Tecnológico de Chascomús (INTECH), Argentina. brambilla.silvina@inta.gob.ar.

El manejo eficiente del nitrógeno constituye uno de los principales desafíos para el desarrollo de una agricultura sostenible. La utilización de fertilizantes nitrogenados sintéticos permite incrementar la productividad de los cultivos, pero su producción y aplicación presentan elevados costos económicos y ambientales. Frente a este

escenario, la fijación biológica de nitrógeno (FBN) mediante la simbiosis entre leguminosas y rizobios constituye una estrategia sustentable para reducir la dependencia de fertilizantes sintéticos. Si bien la inoculación con cepas seleccionadas es una práctica ampliamente utilizada en cultivos como la alfalfa, los inoculantes comerciales disponibles presentan limitaciones que reducen su contribución a la sustentabilidad del sistema. Estudios previos demostraron que cepas comerciales de *Sinorhizobium meliloti*, como B399, conservan genes asociados a la producción de N_2O , pero carecen de aquellos necesarios para su reducción a N_2 . Esta característica favorece la pérdida de nitrógeno del sistema y contribuye al impacto ambiental del cultivo. En este contexto, exploramos una nueva estrategia genética vía CRISPR-Cas9 para modular la desnitrificación en el inoculante comercial B399 de alfalfa, la cual mejoró el nitrógeno en suelo sin comprometer la productividad del cultivo, resultando en una estrategia prometedora para mejorar la *performance* agronómica y ambiental de los inoculantes.

CALIDAD DE FORRAJE DE POBLACIONES DE ALFALFA TOLERANTES A SEQUÍA Y PREDICCIÓN FENÓMICA BASADA EN ÍNDICES ESPECTRALES

Inostroza L.¹, Espinosa S.², Cabezas S.², Monzón G.², del Pozo A.² ¹ Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chillán, Chile ² Facultad de Agronomía, Universidad de Concepción, Chillán, Chile. linostroza@inia.cl.

El programa de mejoramiento genético de alfalfas de INIA-Chile ha desarrollado materiales tolerantes a sequía que muestran alta producción de materia seca y persistencia en ambientes mediterráneos con precipitación anual mayor a 500 mm y 4–5 meses de temporada estival. Debido al alto costo, no se ha evaluado la calidad de forraje de este material. El objetivo de este trabajo fue implementar una metodología basada en espectroscopia-NIR para la estimación de componentes de calidad de forraje y evaluar la relación entre índices derivados de técnicas de fenotipado de alto rendimiento y calidad de

DEL GEN AL PLATO: SIMPOSIO SOBRE BIODIVERSIDAD CRIOLLA Y GASTRONOMÍA

Armstrong E.¹, Vaio M.² ¹ Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UdelaR), Uruguay ² Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR), Uruguay.

Uruguay cuenta con diversos recursos genéticos vinculados a la alimentación y a tradiciones ancestrales, muchos en proceso de caracterización genética y de posicionamiento en el mercado. El simposio aborda razas Criollas de bovinos, ovinos y cerdos (adaptadas hace 400 años), variedades vegetales indígenas (maní, maíz), frutos nativos revalorizados y productos fermentados con levaduras nativas (vinos, sidra, panes). Incluye ponencias y degustaciones de los productos, ofreciendo una mirada integradora sobre diversidad genética, gastronomía, sostenibilidad y soberanía alimentaria.

4.000 AÑOS DE HISTORIA Y BIODIVERSIDAD: CONSERVACIÓN IN SITU Y RIQUEZA DE RAZAS DE MAÍZ EN URUGUAY.

Vidal R.¹, de Almeida N.², Carvalho R.¹, García da Rosa V.¹, Vaio M.¹, Malaquias Costa F.³, Veasey E. A.⁴ ¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR), Uruguay ² ITR CS-UTEC, Uruguay ³ University of Oxford, Reino Unido ⁴ ESALQ-USP, Brasil. rvidal@fagro.edu.uy.

El maíz cuenta con una larga trayectoria en Uruguay, con una presencia que se remonta a unos 4000 años antes del presente (AP). Nuestros relevamientos muestran que la agricultura familiar es clave para conservar las variedades criollas. La diversidad de tipos, formas y colores de grano, junto con sus usos, preparaciones culinarias y distribución geográfica, permitió clasificarlas en diez razas. En términos genéticos, el país conserva una diversidad entre alta y moderada. A nivel cromosómico, estas razas se distinguen de otros maíces sudamericanos por su contenido de ADN, número de knobs y presencia de cromosomas B. Mediante un enfoque integral que combinó indicadores etnobotánicos, fenotípicos y moleculares, el estudio identificó un microcentro y dos regiones de diversidad en Uruguay. El Microcentro de Diversidad, ubicado en Canelones dentro de un radio de 50 km, presentó los índices moleculares más altos. Entre las Regiones de Diversidad, con radios de 150 a 300 km, la zona de Tacuarembó y Rivera registró la mayor riqueza de razas, mientras que Rocha y Treinta y Tres concentró la mayor variedad de nombres locales y exclusivos, además de las variedades más antiguas conservadas por una misma familia durante 80 años.

EL CERDO PAMPA ROCHA: PATRIMONIO GENÉTICO, ADAPTACIÓN Y VALOR PRODUCTIVO DE UNA RAZA CRIOLLA URUGUAYA

Carballo C.¹, Vodanovich A.¹, Espino N.¹ ¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR), Uruguay. ccarballo@fagro.edu.uy.

El cerdo Pampa Rocha es la raza criolla porcina de Uruguay y un recurso zoogenético local adaptado históricamente a sistemas extensivos del Este del país. Su rusticidad, habilidad materna, capacidad de pastoreo y aprovechamiento de alimentos alternativos y fibrosos constituyen atributos de interés para sistemas productivos a campo. Sin embargo, la sustitución por genotipos comerciales y los cruzamientos sin control han reducido su población,

determinando una situación crítica para su conservación. Desde la Unidad de Producción de Cerdos de la Facultad de Agronomía (Udelar) se desarrolla una estrategia de conservación y caracterización integral que comprende aspectos morfológicos, productivos y reproductivos, genéticos, de calidad de carne y productos derivados, y de adaptación al uso de pasturas y recursos alimentarios alternativos. Los estudios genéticos han evidenciado que la raza Pampa Rocha constituye un grupo genético diferenciado, mientras que los estudios en carne muestran características nutricionales y tecnológicas de interés, con atributos que pueden contribuir a su valorización. La caracterización de estas particularidades busca generar bases para una conservación sustentada en el uso, promoviendo su valorización como producto diferenciado por su origen criollo y por su aptitud para sistemas a campo, potencialmente compatibles con mayores niveles de bienestar animal y un uso más eficiente de recursos locales.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE OVINOS CRIOLLOS DE ARGENTINA Y URUGUAY

Carracelas B.¹, Peña S.², Ciappesoni G.^{1,1} Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay ² Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Argentina. bcarracelas@inia.org.uy.

Los ovinos criollos del Cono Sur constituyen un recurso zoogenético valioso, adaptado durante más de 500 años a condiciones locales sin selección artificial dirigida. El objetivo fue caracterizar genéticamente poblaciones criollas de Uruguay y Argentina. Los criollos argentinos (Buenos Aires, Salta, Corrientes y Santiago del Estero; n=30 cada una) se analizaron mediante 30 microsatélites nucleares y secuenciación de la región D-Loop mitocondrial, evaluando diversidad genética, estructura poblacional y linajes maternos: se identificaron tres grupos genéticos principales, confirmando el haplogrupo A de origen asiático. Las poblaciones difieren entre regiones pero comparten base genética común y alta diversidad interna. En Uruguay se analizaron seis poblaciones (INIA Las Brujas n=71, San Miguel n=117, productores comerciales n=14, San Pedro del Timote n=13, Catamarca-Argentina n=5) junto con ovinos Corriedale (n=474) mediante paneles de 700K y 50K SNPs. El PCA y el árbol Neighbor-Joining mostraron que las criollas argentinas y de productores comerciales uruguayos se agrupan estrechamente, mientras San Miguel se diferencia marcadamente y Corriedale resultó el grupo más distante, como era esperable en una raza comercial. Las Brujas y San Pedro del Timote se posicionaron próximas, compartiendo ancestro común, consistente con su origen en la estancia Marmarajá y la selección por capa blanca. Estos resultados refuerzan la importancia de conservar estos recursos y continuar su caracterización coordinada entre países.

EL BOVINO CRIOLLO URUGUAYO, UNA CARNE CON MUCHA HISTORIA.

Armstrong E.¹, Madruga A.^{2,1} Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (Udelar), Uruguay ² Fundación Bovino Criollo Uruguayo, Brasil. eileen.armstrong@gmail.com.

El bovino Criollo Uruguayo (BCU) es la fuente original de la ganadería en nuestro país, llegado hace más de 400 años. Dejado de lado ante la irrupción de razas mejoradas, casi extinto, hoy resurge como alternativa productiva y ambientalmente sostenible. Los estudios recientes se han centrado en profundizar la caracterización genética y genómica de la raza mediante marcadores moleculares y genotipado masivo de SNP, evaluando diversidad genética, endogamia y relaciones filogenéticas con otros bovinos Criollos americanos. Esta información es clave para el manejo racional de los rodeos y la conformación de un banco de germoplasma, dado que la raza vuelve a expandirse por varios puntos del territorio. En paralelo, se ha ampliado la evaluación del BCU como raza para

producción de carne de calidad, puro o en cruzamientos con razas comerciales, incorporando datos de calidad de canal (pesos, área de ojo de bife, espesor de grasa dorsal) y de calidad de la carne (terneza, color, pérdidas por cocción, pH). Todos los resultados revelan que la calidad de la carne del BCU es igual o mejor que razas de carne mundialmente reconocidas. Dado este panorama, se busca explorar la viabilidad de cruzamientos terminales y de una producción diferenciada con denominación de origen protegida para mercados gourmet, como forma de revalorizar la raza más antigua del país. Los proyectos combinan investigación científica, formación de recursos humanos y transferencia tecnológica a productores, consolidando al BCU como recurso genético estratégico para la ganadería nacional.

REDESCUBRIENDO LAS FRUTAS NATIVAS EN LOS PAISAJES AGROECOLÓGICOS Y CULTURALES DE URUGUAY

Pritsch C.¹, Rivas M.², Speroni G.¹, Vaio M.¹, Quezada M.¹, Souza Pérez M.¹, Trujillo C.¹, Puppo M.¹, Vilaró M.², Baccino E.¹, Pesce M.¹, López L.¹, Rodríguez P.³, Cabrera D.³, Dini M.³, Vignale B.^{1,1} Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR), Uruguay ² Centro Universitario Regional del Este (CURE-UdelaR), Uruguay ³ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. clara@fagro.edu.uy.

El guayabo del país (*Feijoa sellowiana*), arazá amarillo (*Psidium cattleianum* f. *lucidum*) y la palmera butiá (*Butia odorata*) son las especies frutales nativas más destacadas de Uruguay. En los últimos 30 años productores, emprendedores, gastronómicos, periodistas y artistas participan de un proceso de redescubrimiento y revalorización de las frutas nativas, en un contexto de renovado interés por los recursos nativos, la conservación basada en la utilización sostenible, y estrategias de desarrollo local y visibilización de nuestro patrimonio biocultural. Este grupo de investigadores contribuye a su conservación y valorización mediante estudios de biología reproductiva, caracterización fenotípica, genética y molecular, manejos agronómicos y planes de manejo para los palmares de butiá, destacándose el manejo ganadero para su regeneración, estudios de diversidad, buenas prácticas de cosecha, circuitos ecoturísticos y la designación de un paisaje biocultural. Para arazá se reportó un sistema reproductivo apomítico y diversidad de citotipos, con impacto en la fertilidad del polen. Para guayabo del país se constató alta diversidad morfológica y molecular en poblaciones silvestres, liberándose los primeros cuatro cultivares y desarrollándose recursos genómicos y transcriptómicos. Los resultados orientan estrategias de conservación y utilización de estas especies, generando nuevas preguntas de investigación que dialogan con el paisaje cultural de frutas nativas de Uruguay.

HANSENIASPORA VINEAE: UNA LEVADURA URUGUAYA EN EL MERCADO MUNDIAL PARA MEJORAR LOS VINOS CON IDENTIDAD REGIONAL

Carrau F.¹, Da Silva C.^{1,1} Área Enología y Biotecnología de Fermentaciones, Departamento de Ciencia y Tecnología de Alimentos, Facultad de Química, Universidad de la República (UdelaR), Uruguay. fcarrau@fq.edu.uy.

Presentamos *Hanseniaspora vineae*, levadura autóctona uruguaya ya comercializada para la industria de bebidas fermentadas. *H. vineae* es un ejemplo innovador para la mejora de la complejidad aromática y promueve la expresión de la microbiota del terroir, favoreciendo mayor diversidad de levaduras en fermentación. Respecto a cepas comerciales de *Saccharomyces cerevisiae*, muestra lisis celular precoz al final de la fermentación, liberando manoproteínas, polisacáridos, ácidos grasos, aminoácidos y péptidos que aumentan el volumen de boca y la redondez

en días en lugar de meses. Sintetiza bencenoides y fenilpropanoides poco frecuentes en starters convencionales, generando perfiles aromáticos diferenciados y con capacidad bioactiva a nivel nutricional. Su bajo requerimiento de nitrógeno, actividad proteasa eficiente y capacidad de acetilación favorecen la supervivencia de la microbiota autóctona, apoyando estrategias de mínima intervención y fermentaciones mixtas controladas. La cepa constituye un ejemplo de valor agregado para recursos genéticos locales: fue el primer registro en Uruguay conforme al Protocolo de Nagoya, asegurando protección del patrimonio microbiano nativo. Se discuten implicancias prácticas para vitivinicultura, sidra, cervezas artesanales y panificación, además de ensayos piloto en uvas blancas y tintas y estudios en escala industrial en curso. *H. vineae* ejemplifica cómo la valorización biotecnológica de recursos genéticos nacionales contribuye a la sostenibilidad vitivinícola, a los alimentos fermentados y a la preservación del patrimonio biocultural.

HACIA LA MEJORA EN LA APLICACIÓN DE LOS ESTUDIOS FARMACOGENÓMICOS Y DE MEDICINA DE PRECISIÓN EN ONCOLOGÍA EN LATAM

Redal M. A.^{1,1} División Genética, Departamento de Medicina, Hospital de Clínicas José de San Martín, Universidad de Buenos Aires (UBA), Argentina.

En los pacientes oncológicos surge una gran dificultad para optimizar el tratamiento dado que la respuesta al mismo puede estar influida por diferencias individuales. Esas diferencias, asociadas con toxicidad y resistencia, pueden surgir por variantes genéticas del paciente y por mutaciones propias del tumor. América Latina, presenta una alta variabilidad genética que debe ser considerada en el desarrollo de terapias oncológicas, permitiendo obtener tratamientos personalizados y seguros y, consecuentemente, una mejora en los servicios de atención médica, incluidos sus costos.

FACTORES GENÉTICOS ASOCIADOS A LA TOXICIDAD Y RESPUESTA AL TRATAMIENTO DE LA LEUCEMIA LINFLOBLÁSTICA AGUDA PEDIÁTRICA

Soler A. M.¹, da Luz J.^{1,1} Laboratorio de Genética Molecular Humana, Departamento de Ciencias Biológicas, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República (Udelar), Salto, Uruguay. anamasoler@gmail.com.

La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es la neoplasia más frecuente en la infancia y, pese a las elevadas tasas de sobrevida alcanzadas con los protocolos actuales, la variabilidad en la respuesta y la toxicidad asociada al tratamiento constituye un desafío para la optimización terapéutica. En pacientes pediátricos uruguayos con LLA se ha estudiado la influencia de variantes genéticas sobre la respuesta a distintos fármacos y fases del tratamiento. Durante el mantenimiento, se ha caracterizado la asociación de variantes en *TPMT*, *NUDT15* e *ITPA* con la toxicidad hematológica y la exposición a 6-mercaptopurina. Estos estudios se han extendido al análisis de regiones reguladoras de estos genes y de otros componentes de la vía de 6-mercaptopurina, incluyendo *ABCC4*. Por otra parte, se han estudiado variantes en genes relacionados con el metabolismo y transporte de metotrexato, entre ellos *MTHFR*, *SLC19A1*, *TYMS*, *SLCO1A2* y *SLCO1B1*, durante las fases de mantenimiento y consolidación, incorporando además el análisis de miARNs. Asimismo, se han analizado variantes en *ABCB1*, *ABCG2*, *CYP3A5* y *ASNS* en relación con toxicidades durante la inducción. En la fase de reintensificación, se estudia la influencia de variantes en genes de la familia *GST*, *IKZF1* y *NR3C1* sobre la respuesta a glucocorticoides. Asimismo, se investigan *IL6*, *IL6R* e *IL1B* y otros determinantes genéticos asociados con la respuesta terapéutica y el riesgo de recaída. En conjunto, estos estudios contribuyen a caracterizar la variabilidad farmacogenética de la LLA pediátrica y a generar evidencia para una terapéutica más individualizada.

CLASIFICAR PARA TRATAR: LA INFLUENCIA DE LOS BIOMARCADORES MOLECULARES EN LA TERAPÉUTICA DE LOS GLIOMAS

Pérez G.^{1,1} Departamento de Microbiología, Área Virología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (FCByF), Universidad Nacional de Rosario (UNR), Argentina, german.0205@gmail.com.

El abordaje de los gliomas, tumores primarios más frecuentes del Sistema Nervioso Central, se transformó en la última década con la incorporación de biomarcadores moleculares, dando lugar a un diagnóstico integrado en el

que la clasificación actual ya no se basa exclusivamente en la histología del tumor. Esta caracterización permite identificar subgrupos biológicamente homogéneos, estimar la evolución clínica de cada paciente y anticipar la respuesta terapéutica, sentando las bases de un tratamiento racional y personalizado. En la actualidad, estos biomarcadores condicionan las decisiones clínicas en un escenario de opciones terapéuticas todavía limitadas, donde mecanismos de farmacorresistencia, vinculados a transportadores de membrana y a la sobreexpresión de enzimas reparadoras del ADN, reducen la eficacia de los quimioterápicos disponibles y representan un desafío central. Al mismo tiempo, esa misma caracterización molecular abre camino hacia nuevas estrategias terapéuticas dirigidas, uno de los horizontes más prometedores de la neurooncología actual. Trasladar estos hallazgos moleculares desde el laboratorio hasta su aplicación efectiva en el paciente sigue siendo un desafío en Latinoamérica, donde resulta necesario contar con estudios clínicos propios que permitan validarlos y acelerar su aplicabilidad práctica, superando las limitaciones de infraestructura, acceso y estandarización que hoy retrasan su incorporación a la atención del paciente, y avanzar así hacia una oncología de precisión más equitativa en la región.

IMPLEMENTACIÓN DE GENOTIPADO DE DPYD EN SISTEMAS DE SALUD CON RECURSOS LIMITADOS.

Quiñones L.¹¹ Departamento de Oncología Básico-Clínica, Facultad de Medicina & Departamento de Ciencias y Tecnología Farmacéutica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile (UCHILE), Santiago, Chile. lquinone@uchile.cl.

Las fluoropirimidinas constituyen pilares del tratamiento de diversos tumores, pero pueden causar toxicidad grave y potencialmente fatal en pacientes con actividad reducida de dihidropirimidina deshidrogenasa, frecuentemente asociada a variantes del gen *DPYD*. El genotipado pretratamiento y el ajuste de dosis según el genotipo permiten reducir toxicidades prevenibles sin comprometer la eficacia terapéutica. Sin embargo, su implementación continúa siendo limitada en sistemas de salud con recursos restringidos, particularmente en Latinoamérica, debido a barreras económicas, regulatorias, de infraestructura, capacitación y acceso a pruebas moleculares. A ello se suma la elevada diversidad genética de las poblaciones latinoamericanas y su subrepresentación en estudios farmacogenómicos internacionales. Se propone una estrategia de implementación progresiva y adaptada al contexto regional, basada inicialmente en paneles de variantes clínicamente validadas, utilización de laboratorios de referencia, programas piloto en centros de alta complejidad, capacitación multidisciplinaria e integración gradual del genotipado en guías clínicas y sistemas de financiamiento. La experiencia regional demuestra que existen capacidades para avanzar hacia modelos escalables y sostenibles. La incorporación de *DPYD* debe considerarse una intervención de seguridad del paciente y una estrategia de atención de alto valor, capaz de disminuir toxicidad, hospitalizaciones y costos asociados al tratamiento con fluoropirimidinas.

DISEÑO DE VACUNAS CONTRA EL CÁNCER BASADO EN ALTERACIONES GENÓMICAS E INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Lopez Cortes A.¹¹ Cancer Research Group (CRG), Universidad de Las Américas (UDLA), Quito, Ecuador. aalc84@gmail.com.

El diseño de vacunas terapéuticas contra el cáncer requiere identificar antígenos que combinen relevancia tumoral y potencial de reconocimiento inmunitario. Esta ponencia presenta una estrategia de vacunología inversa que

integra alteraciones genómicas, dependencias funcionales e inteligencia artificial para priorizar candidatos vacunales en 12 tipos de cáncer. El enfoque combina datos de pérdida de función mediante CRISPR–Cas9, variantes tumorales y perfiles de expresión, junto con modelos de aprendizaje automático para estimar el efecto de las variantes y predecir la presentación de péptidos por moléculas HLA de clases I y II. La selección incorpora la expresión en tejidos sanos, la similitud con secuencias humanas y la diversidad de alelos HLA, con el propósito de orientar el diseño de vacunas multiepítipo y estimar su cobertura poblacional. Se distinguirán las alteraciones observadas en tumores de las variantes propuestas computacionalmente, así como la unión predicha a HLA de la inmunogenicidad demostrada. Se discutirán las aplicaciones de este marco a la selección de antígenos compartidos y personalizados, y sus limitaciones ante la heterogeneidad tumoral y la evasión inmunitaria. La integración de genómica e inteligencia artificial permite organizar y priorizar hipótesis vacunales dentro de la oncología de precisión, cuya traducción clínica exige confirmar la presentación antigénica, la respuesta de linfocitos T y la seguridad mediante validación experimental.

CITOGENÉTICA DE INSECTOS

Pita S.^{1,1} Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UdelaR), Montevideo, Uruguay.

La citogenética de insectos combina herramientas clásicas y moleculares para investigar la organización, evolución y dinámica de los genomas. Esta mesa abordará la diversidad de sistemas cromosómicos del grupo desde una perspectiva integral, incorporando herramientas ómicas que potencian el análisis tradicional. A través de este diálogo, buscamos integrar enfoques complementarios y fortalecer este campo de estudio como un área clave para comprender los mecanismos evolutivos y la diversidad genómica global.

CITOGENÉTICA COMPARATIVA Y EVOLUTIVA DE DIVERSOS TAXONES DE INSECTOS

Bressa M. J.^{1,1} Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN), Universidad de Buenos Aires (UBA), Argentina. mjbressa@ege.fcen.uba.ar.

Los insectos representan el grupo de organismos más diverso de la Tierra, ejercen un gran impacto ecológico al desempeñar funciones ecosistémicas esenciales y poseen relevancia económica por su actividad como plagas agrícolas y urbanas, así como importancia médica, dado que algunas especies actúan como vectores de enfermedades. Este grupo de animales presenta una amplia diversidad cromosómica y notable variación en la organización genómica, arquitectura cromosómica e historia evolutiva. En este contexto, los estudios citogenéticos han constituido abordajes efectivos para analizar las formas cromosómicas de las especies actuales y, a través de la comparación cariológica, hacer inferencias sobre los cambios cromosómicos que pudieron haber acontecido a lo largo del proceso evolutivo en los distintos grupos taxonómicos, elucidar los procesos que conducen a la aparición y fijación de los sistemas de cromosomas sexuales, comprender las relaciones evolutivas y filogenéticas de las especies bajo estudio. La citogenética molecular y evolutiva han permitido realizar análisis cromosómicos más precisos al proporcionar marcadores cromosómicos valiosos no sólo para el estudio de la diversificación cromosómica y la organización del genoma, sino también para la caracterización citotaxonómica y la diferenciación entre especies crípticas y/o morfológicamente similares. En la actualidad, en la era de la citogenómica, el empleo de un enfoque integrador que combina genómica, datos cromosómicos y herramientas bioinformáticas permiten desvelar la estructura, función y evolución de los cromosomas con una resolución sin precedentes y comprender aún mejor la organización y dinámica del genoma, el papel de los elementos repetitivos, entre otros aspectos.

MEMBRACIDAE REPEATS AND SEX CHROMOSOME EVOLUTION

Mora P.¹, Rico-Porras J. M.¹, Gasparroto A.², Ferreti A. B. S. M.², Lorite P.¹, Palmer Droguett D.³, Cabral-de-Mello D. C.²

¹ Departamento de Biología Experimental, Área de Genética, Universidad de Jaén, España ² Departamento de Biología Geral e Aplicada, Instituto de Biociências, UNESP, Rio Claro, Brasil ³ Biology Department, University of Texas at Arlington, Estados Unidos.

Membracidae (Hemiptera: Auchenorrhyncha) presenta cromosomas holocéntricos y una diversidad cariotípica con números diploides de $2n=11-30$ y sistemas sexuales $X0$ y neo- XY . Aunque $2n=21, X0$ se considera el cariotipo

ancestral, los mecanismos responsables de la evolución cromosómica siguen siendo poco conocidos. En este trabajo analizamos la relación entre ADN repetitivo y evolución cromosómica en especies de Membracidae mediante aproximaciones citogenómicas. El análisis filogenético reveló reducciones independientes del número cromosómico compatibles con múltiples eventos de fusión. La abundancia del motivo telomérico (TTAGG)_n, estimada mediante RepeatMasker, mostró una elevada variación entre especies, mientras que su distribución cromosómica mediante FISH reveló señales terminales e intersticiales en autosomas y cromosomas sexuales. Sin embargo, estos patrones no apoyan un papel directo de las secuencias (TTAGG)_n en las fusiones cromosómicas. Además, el análisis de individuos con y sin cromosomas B mediante RepeatExplorer2 y TAREAN mostró una marcada diferenciación en su composición de ADN repetitivo. El análisis comparativo de especies con sistemas neo-XY también reveló diferencias en la abundancia y distribución de secuencias repetitivas asociadas a los cromosomas sexuales. En conjunto, nuestros resultados sugieren que, aunque las secuencias teloméricas no parecen ser el principal factor implicado en las fusiones, el ADN repetitivo podría desempeñar un papel relevante en la reorganización y diferenciación cromosómica en Membracidae.

WHAT IS THE REPEATS COMPOSITION OF HOLOCENTRIC B CHROMOSOMES? THE CASE OF AETALION RETICULATUM

Bardella V. B.¹, Milani D.², Martí E.^{2,3}, Mora P.⁴, Cabral-de-Mello D. C.^{2,1} Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, Brasil ² Departamento de Biologia Geral e Aplicada, Instituto de Biociências, UNESP, Rio Claro, Brasil ³ Department of Biology, University of Rochester, Estados Unidos ⁴ Department of Experimental Biology, Genetics Area, University of Jaén, España. vanessa.b.bardella@unesp.br.

El origen y la composición molecular de los cromosomas supernumerarios (Bs) están ampliamente descritos en organismos con cromosomas monocéntricos. Sin embargo, esta información aún es escasa para organismos con cromosomas holocéntricos. Estos presentan una placa cinetocórica distribuida a lo largo de toda la extensión cromosómica, característica que puede favorecer la fragmentación cromosómica y puede influir en la organización de los DNAs repetitivos. En este contexto, nuestro objetivo fue investigar los cromosomas B de *Aethalion reticulatum* (Hemiptera), con énfasis en la dinámica de los DNAs satélites, uno de los principales componentes de los cromosomas Bs. A partir de la integración de datos genómicos y citogenéticos, identificamos cuatro tipos distintos de cromosomas B en individuos provenientes de un área geográfica restringida. Con base en la composición, abundancia y los niveles de divergencia de los DNAs satélites, diferenciamos los dos tipos de cromosomas B más frecuentes. Además, los análisis meióticos evidenciaron puentes anafásicos, cromosomas con migración tardía y fragmentos cromosómicos, sin observar la presencia de micronúcleos. Esta característica sugiere que los fragmentos cromosómicos generados posiblemente no son eliminados durante la división celular. En conjunto, los resultados permiten plantear hipótesis sobre el origen, la composición y el comportamiento de los cromosomas B en organismos con cromosomas holocéntricos.

CITOGENÓMICA EN TRIATOMINOS, VECTORES DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS

Pita S.¹, Mora P.², Rico-Porras J. M.², Panzera F.¹, Cabral-de-Mello D. C.^{3,1} Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UdelAR), Montevideo, Uruguay ² Departamento de Biología Experimental,

Área de Genética, Universidad de Jaén, España ³ Departamento de Biologia Geral e Aplicada, Instituto de Biociências, UNESP, Rio Claro, Brasil. spita@fcien.edu.uy.

Los triatomíneos son un grupo de especies con interés sanitario debido a su rol como vectores de la enfermedad de Chagas. A su vez, presentan un gran interés biológico debido a la presencia de cromosomas holocéntricos. En la tribu Triatomini, los estudios citogenómicos realizados hasta el momento muestran que el ADN satélite (ADNsat) constituye la principal fracción del ADN repetitivo y presenta una dinámica estrechamente vinculada con la diferenciación cromosómica. Las familias de ADNsat se encuentran ampliamente dispersas en el genoma, incluyendo regiones heterocromáticas y eucromáticas, por lo que su distribución no puede ser explicada por una asociación exclusiva con la heterocromatina. Los análisis comparativos entre especies y linajes muestran patrones compatibles con la hipótesis de la biblioteca, según la cual las familias de ADNsat se conservan preferentemente entre especies filogenéticamente próximas, mientras que los diferentes linajes presentan amplificaciones y pérdidas diferenciales. Nuestros análisis han mostrado que cada subcomplejo dentro de la tribu Triatomini presenta una heterocromatina caracterizada por un conjunto reducido de familias específicas, evidenciando un importante recambio de satélites durante la evolución. Este patrón de conservación de algunas familias, acompañado por su rápida amplificación, pérdida y redistribución, genera características propias de la heterocromatina de cada linaje y contribuye a explicar diferencias entre los cariotipos. Por lo tanto, nuestros resultados muestran cómo la integración de herramientas genómicas y citogenéticas permite relacionar la dinámica del ADNsat con la evolución de los cariotipos.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CULTIVOS E INNOVACIONES PARA LA RESILIENCIA CLIMÁTICA

Perera M. F.^{1,†} Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), CONICET, CCT NOA Sur, Tucumán, Argentina.

Los programas de mejoramiento genético buscan obtener variedades de mayor productividad con características agronómicas sobresalientes. Sin embargo, los desafíos que plantea el cambio climático exigen el desarrollo de cultivos resilientes que junto a prácticas agrícolas sostenibles contribuyan a la sostenibilidad ambiental y económica. Este simposio pretende abordar avances y desafíos del mejoramiento, enfocándose en el uso de recursos genéticos y la aceleración del desarrollo de cultivares mediante enfoques innovadores, desde caracterización de germoplasma hasta biotecnología y genética molecular.

DIVERSIDAD GENÉTICA Y MEJORAMIENTO MOLECULAR: IMPULSANDO LA BIOECONOMÍA DE CAÑA DE AZÚCAR

Sampaio Carneiro M.^{1,†} Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), São Carlos, Brasil. monalisa@ufscar.br.

A cana-de-açúcar ocupa posição estratégica na bioeconomia latino-americana, contribuindo para a produção de açúcar, bioetanol, bioenergia e outros bioprodutos. A sustentabilidade e a competitividade do setor dependem da capacidade dos programas de melhoramento de explorar e ampliar a diversidade genética disponível. Nesse contexto, a integração de recursos genéticos, fenotipagem, ferramentas moleculares e genômica tem aumentado a eficiência do melhoramento e ampliado as possibilidades de obtenção de variedades superiores. A caracterização da diversidade genética e a identificação de genes, marcadores e regiões genômicas de interesse permitem explorar características associadas à produtividade, resistência a doenças, tolerância a estresses abióticos e adaptação a diferentes ambientes. Estratégias como seleção assistida por marcadores e seleção genômica contribuem para incorporar essa variabilidade de forma mais eficiente aos programas de melhoramento. Esta palestra discutirá como a integração entre diversidade genética e melhoramento molecular pode transformar conhecimento em inovação, contribuindo para o desenvolvimento de variedades mais produtivas, resilientes e sustentáveis e fortalecendo o papel da cana-de-açúcar na bioeconomia.

TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE LA CAÑA DE AZÚCAR EN LA EEAOC: DOS DÉCADAS DE LOGROS Y DESAFÍOS PARA LA SOSTENIBILIDAD DEL SECTOR CAÑERO

Racedo J.¹, Budeguer F.¹, Enrique R.¹, Ostengo S.¹, Noguera A.^{1,†} ITANOA, EEAOC, CONICET, CCT NOA Sur, Tucumán, Argentina. joracedo@gmail.com.

La caña de azúcar (*Saccharum* spp.) es una gramínea perenne C4 de alta productividad y un cultivo clave tanto para la producción de azúcar como para la generación de bioenergía. Su complejidad genética (poliploide, aneuploide) y su ciclo de cultivo semi-perenne hacen que el mejoramiento convencional requiera entre 12 y 14 años de ardua labor para la obtención de nuevas variedades. En Tucumán, el PMGCA de la EEAOC es responsable de las variedades que ocupan más del 97,6 % del área cultivada. En 2005, la EEAOC incorporó la transformación genética como

herramienta complementaria para acelerar la innovación varietal. El desarrollo de variedades resistentes a glifosato fue el primer objetivo, orientado a reducir costos, disminuir el uso de herbicidas y mejorar la sostenibilidad del sistema productivo. Este proceso implicó resolver desafíos experimentales y regulatorios, especialmente en la desregulación de cultivos poliploides y propagados agámicamente. La variedad TUC 87-3RG obtuvo dictámenes favorables de los entes regulatorios y se efectivizó su inscripción en RNPC-INASE en 2021, siendo el primer material transgénico del programa. Desde 2018, la línea de trabajo se extendió hacia la obtención de variedades transgénicas resistentes al gusano perforador, principal plaga del cultivo, profundizando el enfoque hacia un manejo más sostenible. Otros proyectos actuales del PMGCA están orientados al desarrollo de variedades resistentes a estrés abiótico mediante transgénesis y resistencia a herbicida por edición génica. En conjunto, estas dos décadas de trabajo consolidan a la transformación genética como una herramienta estratégica para el desarrollo de nuevas variedades que aporten competitividad y sostenibilidad al sector cañero del Noroeste Argentino.

UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES PARA EL DESARROLLO DE NUEVAS VARIEDADES DE SOJA

Pardo E. M.¹, Rocha C. M. L.¹, García M. G.¹, Chiesa M. A.², Sanchez J. R.^{1,1} ITANOA, EEAOC, CONICET, CCT NOA Sur, Tucumán, Argentina ² IICAR, Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias, Rosario, Argentina. marianopardo@eeaoc.org.ar.

La producción de soja en el Noroeste Argentino (NOA) enfrenta factores climáticos adversos, enfermedades y plagas. El Programa de Mejoramiento Genético de la Soja (PMGS) de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres desarrolla variedades de soja adaptadas al NOA con pureza genética garantizada, mayor rendimiento y resistencia a factores bióticos y abióticos. Este proceso dura entre siete y ocho años y se basa en principios genéticos clásicos de selección fenotípica. Sin embargo, puede acelerarse mediante la implementación de una técnica denominada Selección Asistida por Marcadores Moleculares (SAM). Nuestro objetivo es implementar la SAM de manera rutinaria en el PMGS, en distintas etapas del programa, para hacer más eficiente el desarrollo de nuevas variedades. Con este propósito se utilizan dos tipos de marcadores moleculares (MM): microsatélites (SSR) y polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs).

El desarrollo de una nueva variedad comienza con la selección de parentales a partir de un banco de germoplasma (BG) propio con gran variabilidad genética, para cruzarlos artificialmente. Los híbridos efectivos avanzan generacionalmente hasta alcanzar la homocigosis y, posteriormente, las líneas promisorias se evalúan por rendimiento y comportamiento fitosanitario hasta que finalmente se inscriben como nuevas variedades. Todas estas etapas se evalúan con SSR y SNPs, garantizando la diversidad genética, la obtención efectiva de híbridos, la incorporación o introgresión de genes de interés asociados con MM y la pureza genética de las líneas que se inscribirán.

MODULACIÓN DE LA SENESCENCIA INDUCIDA POR ESTRÉS ABIÓTICO EN SOJA MEDIANTE EDICIÓN DE GENES DE LA VÍA DE VESICULACIÓN CLOROPLÁSTICA

Vidal S.¹, Fleitas A. L.¹, Briano S.¹, Rile T.^{1,1} Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UdelaR), Montevideo, Uruguay. svidal@fcien.edu.uy.

La senescencia vegetal es un proceso regulado durante el desarrollo que implica diversos eventos fisiológicos controlados genéticamente e influenciados por las condiciones ambientales. Varios factores ambientales severos,

incluido el estrés por sequía, pueden desencadenar senescencia prematura, lo que compromete la acumulación de biomasa y reduce el rendimiento en especies cultivadas. Durante la senescencia, las plantas reciclan nutrientes desde órganos fuente hacia las estructuras reproductivas, de modo que la senescencia inducida por estrés afecta directamente la productividad a través de su impacto en la maduración de las semillas. La senescencia foliar se caracteriza por la degradación ordenada de los cloroplastos y la movilización de clorofila, proteínas y lípidos mediante múltiples vías. Entre ellas, la vía de vesiculación cloroplástica (CVV) está mediada por una proteína dirigida al cloroplasto denominada CV, que participa tanto en la senescencia natural como en la inducida por estrés. CV interactúa principalmente con proteínas del tilacoide, promoviendo la formación de vesículas que contienen CV y que transportan componentes cloroplásticos hacia la vacuola central para su degradación. La soja (*Glycine max*), un cultivo leguminoso de gran importancia global, es particularmente sensible al estrés por sequía. Análisis transcriptómicos comparativos de genotipos de soja con tolerancia diferencial a la sequía revelaron una correlación negativa entre la expresión del gen CV bajo deshidratación y los niveles de tolerancia al estrés hídrico. En este estudio utilizamos CRISPR/Cas9 para generar líneas knockout de CV, como líneas knockdown mediante edición del promotor del gen, y se evaluó el impacto de las mutaciones en el fenotipo de las plantas en condiciones normales de desarrollo y de estrés abiótico.

AVANCES Y DESAFÍOS EN LA CITOGENÉTICA CONSTITUCIONAL Y PRENATAL

Torchio A.^{1,1} CITOGEM – Centro Universitário Faculdade de Medicina do ABC e Universidade Paulista (UNIP), Brasil.

El simposio “Avances y desafíos en la citogenética constitucional y prenatal” abordará el papel actual de la citogenética y la citogenómica en el diagnóstico prenatal, constitucional y clínico. Se discutirá la integración estratégica entre cariotipo, FISH, microarray cromosómico y mapeo óptico del genoma para la investigación de CNV, mosaicismos, discordancias diagnósticas y variantes estructurales. A partir de experiencias clínicas y laboratoriales, se destacará el impacto de estas tecnologías en la precisión diagnóstica, el asesoramiento genético y la toma de decisiones clínicas.

IMPACTO DEL MICROARRAY EN EL DIAGNÓSTICO PRENATAL

Fernandes Lacerda de Carvalho A.^{1,1} Instituto de Biologia, Universidade Federal da Bahia (UFBA), Brasil. acacia.carvalho@ufba.br.

El análisis de microarrays cromosómicos (CMA), una tecnología genómica de alta resolución, ha desempeñado un papel importante en el diagnóstico de anomalías genéticas fetales. El CMA ofrece beneficios diagnósticos adicionales al cariotipo de bandas GTG al revelar desequilibrios submicroscópicos o variaciones en el número de copias (CNV). La detección de CNV patogénicas en genomas fetales se asocia con trastornos del neurodesarrollo, discapacidad intelectual y anomalías estructurales, lo que conlleva importantes implicaciones clínicas que incluyen estrategias de intervención, planes de tratamiento personalizados y asesoramiento genético para futuros padres. El análisis prenatal de CNV es complejo y debe considerar el contexto clínico fetal y las posibilidades de manejo obstétrico. Algunas CNV plantean desafíos importantes para el asesoramiento genético, especialmente aquellas asociadas con significado clínico incierto, en contextos de penetrancia y/o expresividad variables.

MEDICINA PERSONALIZADA EN PEDIATRÍA, UTILIDAD DEL ARRAY EN LA PRÁCTICA CLÍNICA

Lacarruba D.¹, Otazu I.², Torres V.^{2,1} Área de Neuropediatría, Hospital General Pediátrico Niños de Acosta Ñu, San Lorenzo, Paraguay ² Laboratorio Diaz Gill, Paraguay. madojaz86@gmail.com.

En 1980 abre el primer laboratorio de genética humana en Paraguay en el Instituto de Investigación de Ciencias de la Salud de la Universidad Nacional de Asunción. En 2000 y 2013 abren otros dos laboratorios dedicados a cariotipo de sangre periférica. De forma reciente, desde el 2019 el Laboratorio DiazGill invierte en Genética con citogenética convencional, FISH, MLPA y recientemente microarray cromosómico. En 5 años realizaron 1231 cariotipos – 36% pediátricos. La alteración más frecuente pediatría fue en el par 21 (76%) seguida por alteraciones en los cromosomas sexuales (8%) curiosamente con pacientes 47,XXY pediátricos con síntomas atípicos como epilepsia, escoliosis y tetralogía de fallot. Un caso sin diagnóstico con retraso del desarrollo, microcefalia, alteración oftalmológica con cariotipo – Dup Xq27 y microarray Duplicación 592Kb Xq27.1q27.2, una triplicación 8Mb Xq27.2q28 y una duplicación de 216Kb, las tres VUS. También tuvimos un paciente con Disgenesia Gonadal Mixta con cariotipo mos46,X?dup(Y)(q11.22q11.23)[15]/45,X[5] en bandeado giemsa y bandeado C en el cual se completó el estudio con FISH y con un microarray HD informando delección y duplicación mosaica de 18.7Mb en Yp11.32q11.22, una delección de 38Mb en Yq11.23q12 y una delección en mosaico de 3.4Mb en Yq11.222q11.223. Estos casos ejemplifican como los estudios citogenéticos se complementan, permitiendo un diagnóstico y manejo personalizado, pero aún con todas las herramientas tendremos casos sin resolver.

MAPEO ÓPTICO DEL GENOMA HUMANO EN LA DETECCIÓN DE ALTERACIONES CROMOSÓMICAS CONSTITUCIONALES: ¿QUÉ PUEDE APORTAR?

Paiva Vieira T. A.¹, Nascimento-Vidotti C. G.², Krepischi A. C. V.³, Forte Mazzeu J.⁴ ¹ Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Brasil ² Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Brasil ³ Universidade de São Paulo (USP), Brasil ⁴ Universidade de Brasília, Brasil. tpvieira@unicamp.br.

El mapeo óptico del genoma (MOG) representa una de las tecnologías más prometedoras para detectar diferentes tipos de variantes estructurales (VE), incluyendo alteraciones cromosómicas equilibradas y desequilibradas, en un solo experimento. Este método consiste en escanear moléculas de ADN lineal muy largas (tamaño promedio > 250 kb) previamente marcadas con fluorescencia en regiones específicas, ensamblar el genoma mediante el método *de novo assembly* y compararlo con un genoma de referencia para identificar variantes estructurales. Estudios publicados recientemente han demostrado la eficacia del mapeo óptico en la detección de VE en el genoma humano, tanto alteraciones constitucionales como somáticas en el cáncer. Este simposio abordará las diferentes aplicaciones del OGM y presentará la experiencia del Laboratorio de Citogenética y Citogenómica Humana de la Unicamp en el uso de OGM para caracterizar diferentes alteraciones cromosómicas e investigar variantes estructurales en enfermedades raras.

GENÓMICA DE POBLACIONES PARA LA CONSERVACIÓN DE ESPECIES DE VERTEBRADOS EN AMÉRICA LATINA

Ríos N.¹, Barragán Ruiz C. E.² ¹ Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (Udelar), Montevideo, Uruguay ² Universidade Federal de Goiás (UFG), Brasil.

El simposio promoverá el intercambio de metodologías, experiencias y perspectivas futuras entre jóvenes investigadores y especialistas dedicados al estudio de poblaciones de vertebrados, incluidos peces, aves, reptiles y mamíferos. En una región neotropical altamente biodiversa, pero marcada por desigualdades en infraestructura, integración y acceso a datos, este simposio busca fortalecer la Genómica de la Conservación en América Latina, fomentando redes regionales, alianzas y proyectos orientados a conservar especies y proteger el patrimonio natural latinoamericano de manera soberana.

GENÓMICA DE POBLACIONES DE *GARCIALEBIAS VIARIUS*, UN PEZ ANUAL EN PELIGRO DE EXTINCIÓN

Ríos N.¹, Ariosa S.¹, Carbonell A.^{1,2,3}, Gonnet V.^{1,2,3}, Sansoni-Ruidíaz B.¹, García G.¹, Serra W.⁴, Loureiro M.⁵ ¹ Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Udelar, Uruguay ² Departamento de Biodiversidad y Genética, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Uruguay ³ Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA), Uruguay ⁴ Museo Nacional de Historia Natural, MEC, Uruguay ⁵ Laboratorio de Zoología de Vertebrados, Facultad de Ciencias, Udelar, Uruguay. nrios@fcien.edu.uy.

Garcialebias viarius es una especie de pez anual que habita charcos temporales y, por este motivo, se encuentra expuesta a ambientes extremadamente variables. Su distribución se restringe a localidades puntuales de las cuencas del Río Cebollatí y la Laguna Castillos. Esta especie se encuentra categorizada como “En Peligro” por la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza, debido a factores como la explotación para el acuarismo, la agricultura, las modificaciones del flujo hidrodinámico, la contaminación, las sequías y las inundaciones. En este estudio nos propusimos caracterizar la estructura poblacional y la diversidad genética de *G. viarius* a lo largo de su distribución. El análisis consistió en un abordaje de genómica de poblaciones de cuatro localidades, que representaron dos sitios de muestreo en cada cuenca. Se realizó el genotipado de 929 loci SNP mediante la técnica 2bRADseq. El análisis de estructura poblacional identificó tres poblaciones: las localidades de la cuenca del Cebollatí se comportaron como una única población, mientras que las otras dos poblaciones correspondieron a las dos localidades de la cuenca de la Laguna Castillos (Norte y Sur). Las cuatro localidades analizadas mostraron valores similares de heterocigosidad esperada (promedio: 0,3377; desvío estándar: 0,0179). A pesar del reducido número de localidades conocidas de *G. viarius*, encontramos una estructuración genética entre cuencas, como era esperable; pero a su vez registramos diferenciación entre las poblaciones asociadas a la Laguna Castillos. Este trabajo se realizó en el marco de un curso de posgrado del Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas.

IMPACTOS DEL CAMBIO CLIMÁTICO EN LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE LAS POBLACIONES DE HERPETOFAUNA PERUANA

de Barros Machado da Silva C.¹, Machado C.¹, Cusi J.^{1,1} Laboratorio de Genética y Genómica Evolutiva, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú. carolbioms@gmail.com.

La herpetofauna desempeña un papel fundamental en los ecosistemas, tanto como depredadores como presas, y constituye un grupo de excelentes bioindicadores debido a su sensibilidad a las variaciones ambientales. Sin embargo, en las últimas décadas, sus poblaciones han experimentado disminuciones significativas a nivel mundial, asociadas a factores interrelacionados como la pérdida de hábitat, las enfermedades emergentes, la contaminación y el cambio climático. La reducción poblacional y la fragmentación del hábitat pueden incrementar la diferenciación genética entre poblaciones y disminuir la variación genética intrapoblacional, debido al aumento de la deriva genética y de la endogamia. En este contexto, nuestro trabajo busca responder las siguientes preguntas: (i) ¿Cuáles son los efectos del cambio climático sobre la distribución geográfica, la diversidad genética y la diversidad filogeográfica de la herpetofauna? (ii) ¿Cómo se distribuye actualmente la diversidad genética de las especies estudiadas? y (iii) ¿Los niveles actuales de diversidad genética permiten mantener la viabilidad poblacional a largo plazo frente a la reducción demográfica, sin la implementación de medidas de mitigación? La integración de datos genéticos y modelos climáticos permitirá generar una base científica para evaluar los impactos del cambio climático y contribuir al desarrollo de estrategias de conservación de las especies andinas en un contexto de acelerada transformación ambiental.

APORTES DE LA GENÓMICA Y LA BIOGEOGRAFÍA A LA CONSERVACIÓN DE LAS AVES SUDAMERICANAS

Lois N.¹, Balza U.^{2,1} Universidad de Buenos Aires (UBA), Argentina ² Universidad Nacional de Tierra del Fuego / Fundación Cóndor Andino Ecuador / Fundación Caburé-i, Argentina. nlois@untdf.edu.ar.

La diversidad biológica se distribuye heterogéneamente en el espacio como resultado de procesos históricos, condiciones ambientales actuales y paisajes de conectividad. Comprender estos procesos resulta fundamental para identificar unidades de conservación y evaluar la vulnerabilidad de las especies. En esta presentación se sintetizan investigaciones sobre aves sudamericanas que integran herramientas genómicas, filogeografía, ecología del movimiento y estrategias de forrajeo, y modelado ambiental desde una perspectiva biogeográfica. Evaluamos cuatro sistemas con características contrastantes. En primer lugar, analizamos las aves rapaces con gran capacidad de movimiento, para entender la influencia de la historia y las barreras del paisaje sobre la diferenciación genética. El cóndor andino permite vincular la estructura poblacional y la diversidad genética con estrategias de conservación in situ y ex situ. Los flamencos sudamericanos, demuestran cómo puede darse la conectividad entre humedales discretos y aislados mediante información genómica y de movimiento. El caso de los pingüinos crestados nos permite explorar la influencia de las condiciones oceanográficas y las estrategias de forrajeo sobre la estructura poblacional y su relación con la vulnerabilidad frente al cambio climático. Esta síntesis presenta cómo la interacción entre procesos históricos y contemporáneos configura la diversidad genética en especies con distintas capacidades de dispersión y requerimientos ecológicos. Se discuten las aplicaciones de estos enfoques para reconocer unidades de conservación, evaluar la conectividad y orientar estrategias de manejo, así como la importancia de las redes de colaboración latinoamericanas para desarrollar investigaciones a escalas espaciales acordes con los procesos biológicos estudiados.

PANORAMA DE LA GENÓMICA DE MAMÍFEROS COLOMBIANOS: AVANCES, DESAFÍOS Y PERSPECTIVAS PARA LA CONSERVACIÓN

Rodríguez Castro K. G.^{1,1} Facultad de Ciencias Básicas e Ingeniería, Universidad de Llanos – Campus Barcelona, Villavicencio, Meta, Colombia. karen.giselle.rodriguez@unillanos.edu.com.

La amplia diversidad de mamíferos de Colombia constituye una oportunidad y un desafío para su conservación y estudio. Las amenazas son constantes y avanzan a una velocidad mayor que la que tenemos para conocerla. El desarrollo de tecnologías de secuenciación permite el acceso a una mayor parte del genoma, revelando diversidad oculta y permitiendo una visión más completa de la variación genética de las especies y sus dinámicas poblacionales. Los estudios genómicos de mamíferos en Colombia han abarcado desde especies emblemáticas para la conservación, hasta mamíferos menos estudiados. Los estudios han permitido caracterizar la diversidad de poblaciones y desarrollar herramientas para identificación y monitoreo en las grandes especies y por otra parte, el uso de tecnologías portátiles ha permitido identificar pequeños mamíferos no modelo y generar nuevos recursos genéticos a partir de muestras obtenidas en campo. Estos trabajos han contribuido a un mejor entendimiento de la diversidad y de la historia de las poblaciones, pero también han puesto en evidencia algunas de las limitaciones para desarrollar estudios genómicos en el país, relacionadas con el acceso a lugares, la infraestructura disponible, la necesidad de equipos especializados y los recursos necesarios para el análisis y manejo de grandes volúmenes de datos. En este contexto, es necesario fortalecer la integración de la genómica con otras disciplinas y promover la colaboración entre grupos de investigación, no solo de Colombia, sino en América latina, con el fin de comprender mejor la dinámica de las poblaciones, especialmente en especies que presentan amplia distribución en Suramérica.

DISTRIBUCIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE VERTEBRADOS ENTRE RÍOS Y SAVANAS BRASILEÑAS

Barragán Ruiz C. E.¹, Silveira L.², Jácomo A.², Corvalán L.¹, Lazzari G.³, Eizirik E.⁴, Diniz J. A.⁴, Pires de Campos Telles M.^{1,1} Universidade Federal de Goiás (UFG), Brasil ² Instituto Onça Pintada, Brasil ³ Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil ⁴ INCT – Genómica e Biodiversidade / INCT – Ecologia e Evolução, Brasil. car.hele.ruiz@gmail.com.

Brasil, el país de mayor extensión territorial de América del Sur, alberga una de las mayores diversidades biológicas del planeta. Sus seis biomas presentan una marcada heterogeneidad de condiciones bióticas y abióticas, desde regiones semiáridas con baja cobertura vegetal hasta la extensa selva amazónica, lo que convierte al país en un escenario clave para la conservación de grandes carnívoros como el jaguar (*Panthera onca*). Presente en los seis biomas brasileños, este felino enfrenta importantes amenazas asociadas a procesos antrópicos, especialmente la pérdida y fragmentación del hábitat, que pueden reducir la conectividad entre poblaciones, disminuir su tamaño efectivo y favorecer procesos de aislamiento. En este contexto, presentamos uno de los estudios genéticos más amplios realizados con jaguares en Brasil, empleando herramientas de genómica de poblaciones en el marco de una iniciativa de conservación *ex situ* e *in situ* desarrollada en el Cerrado brasileño. A partir de 107 muestras biológicas y 69 marcadores, incluyendo secuencias parciales de genes, SNPs y regiones repetitivas, desarrollamos y evaluamos un panel con potencial para el monitoreo genético de la especie y la construcción de una base de datos nacional. Este panel permitirá investigar procesos demográficos, parentesco, endogamia, diversidad y estructura genética de las poblaciones muestreadas. Además, demostramos la utilidad de estrategias de muestreo no invasivo, utilizando heces y pelos como fuentes de ADN. En conjunto, esta herramienta ofrece una alternativa aplicable al monitoreo genético y al fortalecimiento de estrategias de conservación del jaguar en Brasil.

GENÓMICA VIRAL

Marandino A.^{1,1} Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UdelAR), Montevideo, Uruguay.

El simposio abordará los avances y aplicaciones de la genómica viral, destacando su contribución a la vigilancia, control y prevención de enfermedades. A través de ejemplos en salud humana, animal y ecosistémica, se explorarán la diversidad genética, evolución y dinámica poblacional de virus de importancia sanitaria. Las presentaciones incluirán estudios sobre SARS-CoV-2, dengue, virus de importancia en animales productivos, como alfa herpesvirus de rumiantes y virus aviarios, y virus asociados a mosquitos amazónicos, resaltando su aporte a la salud global.

EVIDENCIA GENÓMICA DE RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA Y DIVERGENCIA EVOLUTIVA EN ALFAHERPESVIRUS DE RUMIANTES DE ARGENTINA

Maidana S.¹, Romera A.², Perez R.², Tau R.³, Marandino A.², Panzera Y.^{2,1} Instituto de Virología, INTA Castelar, Buenos Aires, Argentina ² Universidad de la República (UdelAR), Uruguay ³ Telethon Institute of Genetics and Molecular Medicine (TGEM), Italia, silvinasolad.maidana@uai.edu.ar.

Los alfa herpesvirus de rumiantes —el alfa herpesvirus bovino tipo 1 (BoAHV-1), tipo 5 (BoAHV-5) y el alfa herpesvirus bubalino tipo 1 (BuAHV-1)— generan pérdidas económicas significativas en la ganadería debido a cuadros respiratorios, reproductivos, neurológicos e infecciones subclínicas. Dada su elevada similitud genética y antigénica, la serología resulta insuficiente para diferenciarlos. El uso combinado de aislamiento viral y técnicas moleculares como PCR-REA permitió caracterizar la prevalencia de las cepas circulantes en Argentina, sentando bases precisas para el diagnóstico diferencial. En Suramérica, los sistemas de explotación mixta donde coexisten bovinos, búfalos y caprinos favorecen la coinfección viral, la expansión del rango de hospedadores y la aparición de nuevos reservorios. Como estos virus presentan una baja tasa de mutación, la recombinación homóloga actúa como su principal mecanismo evolutivo. Mediante secuenciación de última generación (NGS), se obtuvo la primera evidencia directa de recombinación homóloga natural entre BoAHV-1 y BoAHV-5. Se demostró que las cepas clasificadas históricamente como subtipo "BoAHV-5b" corresponden a genomas quiméricos que incorporaron el gen *UL27* (glicoproteína B) de BoAHV-1. Asimismo, la caracterización genómica de cinco cepas de campo de BuAHV-1 reveló una fuerte relación filogenética con BoAHV-5, pero con una marcada heterogeneidad y divergencia nucleotídica intraespecífica. El análisis comparativo de los genomas completos de BoAHV-1, BoAHV-5 y BuAHV-1 confirma la emergencia de variantes por recombinación natural. Estos hallazgos permiten dilucidar los patrones de recombinación y comprender mejor la dinámica evolutiva y epidemiológica de los alfa herpesvirus en escenarios productivos reales.

GENOMIC SURVEILLANCE REVEALS SHIFTING DYNAMICS OF DENGUE AND OROPOUCHE VIRUSES IN THE AMERICAS

da Luz Wallau G.^{1,1} Instituto Aggeu Magalhães (IAM), Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz), Recife, Brasil. gabriel.wallau@fiocruz.br.

Arboviruses represent a growing challenge to public health, with the Dengue (DENV) and Oropouche (OROV) viruses standing out as high-burden pathogens in the Americas. Although both cause frequently overlapping acute

febrile syndromes, their epidemiological and ecological dynamics are substantially distinct. Dengue exhibits a broadly consolidated urban transmission pattern, mediated by *Aedes aegypti*, resulting in hyperendemicity, the co-circulation of serotypes, and severe seasonal strain on healthcare systems. In contrast, OROV, prominently driven by the *Culicoides paraensis* vector, has demonstrated a remarkable capacity to expand from sylvatic cycles into urban and peri-urban environments, generating emerging outbreaks and rapid dispersion to new geographic frontiers. To unravel the temporal and spatial complexity of these pathogens we deployed high resolution genomic surveillance which allowed us for the active tracking of viral lineages. By coupling genomics with epidemic modeling tools and ecological metrics, we mapped the introduction of novel variants, and dispersion routes to new environments. Understanding the divergent evolutionary trajectories and unique transmission profiles of DENV and OROV is a critical step to anticipate co-circulation scenarios, strengthen precision laboratory responses, and guide public health control strategies tailored to each pathogen–vector system.

GENÓMICA VIRAL DE MOSQUITOS DEL AMAZONAS: DIVERSIDAD, COMPOSICIÓN, Y CIRCULACIÓN

Fuques E.¹, Massey A.², Campos-Silva J. V.³, Ferreira da Silva D. J.⁴, Peres C. A.^{3,5}, Levi T.², Trubl G.⁶, Vega Thurber R.^{1,1}
 University of California, Santa Barbara, Estados Unidos ² Oregon State University, Estados Unidos ³ Instituto Juruá, Brasil ⁴ Universidade Federal de Mato Grosso, Brasil ⁵ University of East Anglia, Reino Unido ⁶ Lawrence Livermore National Laboratory, Estados Unidos. eddiefuques-villalba@ucsb.edu.

En la Amazonía, la expansión agrícola y urbana intensifica el contacto entre humanos, animales domésticos introducidos y fauna silvestre, creando interfaces donde los mosquitos pueden actuar como puentes para el derrame zoonótico (*spillover*) de virus. Sin embargo, la diversidad viral que circula en estos vectores sigue siendo poco conocida, especialmente en este tipo de áreas remotas. A partir de un abordaje metatranscriptómico de 10.550 mosquitos colectados a lo largo del río Juruá, en la Amazonía occidental, recuperamos secuencias virales correspondientes a 18 familias de virus de ARN, incluyendo 18 especies potencialmente nuevas por su divergencia respecto a especies conocidas, y 9 especies de virus previamente reportadas. Además, mediante un enfoque independiente de una base de datos de referencia para la identificación de secuencias virales, evaluamos cómo el uso del suelo, desde selva hasta ambientes urbanos, estructura la composición, abundancia, y circulación de las comunidades virales. Este trabajo destaca la importancia de la vigilancia genómica de mosquitos en estas interfaces como herramienta de Una Salud para anticipar la emergencia viral.

GENÓMICA VIRAL EN AVICULTURA: APORTES DESDE EL ESTUDIO DEL VIRUS DE GUMBORO

Tomas G.¹, Techera C.¹, Marandino A.¹, Williman J.¹, Vagnozzi A.², Perez R.^{1,1} ¹ Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UdelaR), Uruguay ² Laboratorio de Aves, Instituto de Virología, INTA Castelar, Argentina, gtomas@fcien.edu.uy.

El virus de la enfermedad infecciosa de la bursa (IBDV) es un patógeno inmunosupresor de gran impacto económico para la avicultura mundial, cuya evolución genómica —mutación, recombinación y reordenamiento— ha generado linajes con características epidemiológicas, antigénicas y patogénicas diversas. En esta presentación se abordará cómo distintas aproximaciones de genómica viral permitieron caracterizar la diversidad genética del IBDV circulante en Sudamérica y reconstruir su historia evolutiva. Se presentarán resultados vinculados al desarrollo de metodologías de secuenciación NGS costo-efectivas; a la introducción y dispersión de linajes de relevancia epidemiológica, como el linaje ancestral "distinct" (dIBDV) y el genotipo asiático A2dB1b; y a la identificación de marcadores genéticos asociados a la antigenicidad, la patogenicidad y el posible escape a la protección vacunal. En conjunto, se busca mostrar cómo la integración de datos genómicos, fenotípicos y epidemiológicos contribuye a comprender la dinámica evolutiva del IBDV en la región y a orientar estrategias de control y vacunación adaptadas a los linajes circulantes.

DESCIFRANDO LA HISTORIA GENÓMICA LATINOAMERICANA: CONOCIÉNDONOS PARA CONOCER

Padula G.¹ Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP-CONICET), Argentina.

El presente simposio tiene por objetivo discutir las estrategias implementadas por Argentina, Uruguay y Chile para potenciar la creación de biobancos y el manejo de grandes bases de datos genómicos. El establecimiento de biobancos de datos genómicos en la región debe arraigarse en el respeto por la identidad cultural, la historia de las comunidades y la soberanía de los datos. Un enfoque holístico puede garantizar que los avances en genómica beneficien a toda América Latina de manera justa y equitativa.

PROGRAMA DE REFERENCIA Y BIOBANCO GENÓMICO DE LA POBLACIÓN ARGENTINA

Dipierri J. E.¹ Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA), CONICET, Universidad Nacional de Jujuy, Argentina. jedjujuy@gmail.com.

El Programa de Referencia Genómica y Biobanco de la Población Argentina (PoblAr) es una iniciativa pionera y estratégica orientada a generar datos genómicos y metadatos representativos de la población de Argentina. Su propósito es impulsar el avance de la investigación médica, fortalecer la salud pública y fomentar la implementación de políticas de medicina de precisión adaptadas a las realidades locales. Aborda una brecha de conocimiento en el país, cuya riqueza y dinámica historia de mestizaje poblacional configuran una diversidad genética y ambiental única que influye en los patrones de salud y en el desarrollo de diversas enfermedades. Se reseñarán los cuatro pilares en que se fundamenta PoblAr. Muestreo integral: Los protocolos combinan rasgos biológicos y no biológicos. Esto permite la creación de un biobanco robusto, diseñado para identificar factores de riesgo específicos en distintas afecciones. Marco bioético: La iniciativa prioriza la seguridad y la confidencialidad de los donantes a través de un consentimiento informado. Seguridad de datos: Se ha establecido una infraestructura tecnológica segura que emplea herramientas informáticas avanzadas junto con protocolos de anonimización de la información. Vinculación comunitaria: Se enfatiza la participación y la colaboración con los ciudadanos, donantes y gobiernos locales mediante una estrategia comunicativa transparente. Al promover la salud de precisión basada en datos locales, PoblAr busca generar importantes beneficios sociales que garanticen la equidad, el desarrollo científico y la inclusión en toda Argentina.

PROYECTO CHILE GENÓMICO DE LA UNIVERSIDAD DE CHILE

Verdugo Salgado R.¹ Departamento de Oncología Básico-Clínica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile (UChile), Santiago, Chile. raverdugo@uchile.cl.

A 20 años del lanzamiento de tecnologías de secuenciación masiva en paralelo, las poblaciones latinoamericanas aún están subrepresentadas en los estudios de secuenciación genómica. Existe un vacío en el conocimiento sobre el impacto que la variación genética de estas poblaciones pueda tener para su salud, limitando el desarrollo de la medicina genómica y de precisión en Latinoamérica. Se necesitan estudios genómicos a gran escala de cohortes

no europeas para impulsar el descubrimiento de variantes médicamente relevantes en diversas ascendencias. Para ello, la Universidad de Chile lanzó la Iniciativa Chile Genómico que, desde 2011, ha estudiado la diversidad genética de la población y es parte del consorcio LatinGenomes, que reúne a más de 30 investigadores de diez países de América Latina para compartir datos y experiencias y construir un catálogo de la variación genética en la región. El proyecto LatinCells, surgido de LatinGenomes, investiga el efecto de la variación genética en cambios de expresión génica a nivel de células únicas. El proyecto LatinPangenomes hará uso de la última generación de secuenciación por lecturas largas de alta fidelidad para generar un pangenoma representativo de las ascendencias indígenas de la región que incluya las variantes estructurales y permita investigar su papel en los cambios de expresión génica a nivel celular. Esta charla presentará el diseño, los resultados y desafíos de estas iniciativas que buscan fomentar la colaboración internacional a nivel regional, propiciando el desarrollo de capacidades locales en toda América Latina.

HISTORIA DEL GENOMA DE LOS URUGUAYOS

Bertoni B.^{1,†} Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de la República (UdelaR), Montevideo, Uruguay. bbertoni@fmed.edu.uy.

En Uruguay a partir de la década del 90, se comienza a publicar sobre la estructura genética de la población. Partiendo del uso de grupos sanguíneos, hasta la secuenciación masiva actualmente, los datos permiten reconstruir una imagen de una población con un fuerte aporte europeo, pero también africano y nativo americano. A principios de este siglo, se desarrolló un gran interés en las poblaciones latinoamericanas como una herramienta para comprender la componente genética de las enfermedades complejas. En Uruguay, en el año 2006 comenzamos el estudio del cáncer de mama esporádico bajo esta perspectiva. A lo largo de estas dos décadas se ha interrogado esta muestra desde simplemente un set de genes candidatos hasta llegar a la secuenciación masiva. En ese proceso, encontramos que el haplogrupo H (ADNmt), los genes *ESR1*, *FGFR2*, *VDR*, *CNTNAP2* y *BRCA2*, y CNVs están asociados al desarrollo del cáncer de mama. Pero es a nivel del epigenoma donde surgen los datos interesantes sobre la ancestría genética y los niveles de metilación, así como un panel de 38 sitios CpGs asociados que son propios de la población. Entendemos que esfuerzos a largo plazo para conformar una cohorte son la forma eficiente de encarar estos estudios.

ARNs EXTRACELULARES COMO MEDIADORES Y BIOMARCADORES EN SALUD HUMANA

Pereyra S.¹ Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de la República (Udelar), Montevideo, Uruguay.

Los ARNs extracelulares (exRNA) circulan en fluidos biológicos, libres o empaquetados en vesículas, y participan activamente en la comunicación entre células. Su detección mediante biopsias líquidas los convierte en biomarcadores de alto potencial clínico. El simposio reúne investigadores latinoamericanos que abordan, desde ángulos complementarios, cómo los exRNA intervienen en procesos fisiopatológicos y qué aplicaciones traslacionales ofrecen: estabilidad y validación de biomarcadores, regulación por miRNAs en el cruce entre inmunidad y tumor, redes de interacción génica en cáncer de mama, y ARN circulante en el embarazo como señal temprana de las complicaciones obstétricas.

ARN CIRCULANTE EN EL EMBARAZO: DEL ORIGEN TISULAR DE LAS FIRMAS DE MICROARNS AL DISEÑO DE UNA COHORTE URUGUAYA

Pereyra S.¹, Rodríguez A.¹, Artucio S.², Cappetta M.¹, Bertoní B.¹, Viroga S.², Briozzo L.² ¹ Unidad Académica de Genética, Facultad de Medicina, Udelar, Uruguay ² Unidad Académica de Ginecología A, Facultad de Medicina, Udelar, Uruguay. spereyra@fmed.edu.uy.

El parto pretérmino es la principal causa de mortalidad neonatal y carece de pruebas predictivas tempranas: la cervicometría identifica solo una minoría de los casos. Nuestro grupo busca biomarcadores de ARN libre circulante en plasma materno en el segundo trimestre de embarazo. Interesa saber qué tejido reflejan las firmas de microARN circulante publicadas, interpretadas como expresión de disfunción placentaria. Reanalizamos cuatro cohortes de microARN plasmático en parto pretérmino y 96 pares de vellosidad corial y plasma (semanas 6–23). Anotamos por locus una firma de 34 microARN del metaanálisis previo: ninguno pertenece a los agrupamientos placentarios C19MC y C14MC (esperados 4,5; $p=1,00$), y ocho son de origen hematopoyético (esperados 1,1; $p=3,2e-6$). Se detectan 109 microARN placentarios en plasma, que varían más entre casos y controles que el resto, aunque la selección de candidatos favorece a las moléculas abundantes del compartimento sanguíneo. Un índice de hemólisis con dos microARN alcanza el mismo desempeño que la firma en cohortes independientes (AUC 0,647 y 0,640), y solo uno de los 46 microARN de C19MC detectados en plasma covaría con su nivel placentario. Los microARN detectados informan sobre el compartimento sanguíneo materno más que sobre la placenta. En consecuencia, nuestra cohorte uruguaya buscará microARN candidatos en plasma libre de células con un panel preespecificado que incluye microARN placentarios y medición de hemólisis, y aportará datos de ARN libre de una población latinoamericana, ausente en las cohortes públicas reanalizadas.

ARNs EXTRACELULARES RESISTENTES A LA DEGRADACIÓN: DEL DESCUBRIMIENTO A SU VALIDACIÓN COMO BIOMARCADORES EN BIOPSIAS LÍQUIDAS

Tosar J. P.¹ Facultad de Ciencias, Universidad de la República (Udelar) & Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay. juan.tosar@fcien.edu.uy / jptosar@pasteur.edu.uy.

El ARN extracelular es una fuente prometedora de biomarcadores para biopsias líquidas, pero su alta degradabilidad por ribonucleasas del plasma ha concentrado la investigación en el ARN vesicular. Sin embargo, trabajos de nuestro

grupo y otros muestran que buena parte, si no la mayoría, del ARN extracelular es no vesicular. Al estudiar cómo resisten la degradación, encontramos que ciertos ARNs muy estructurados presentan alta estabilidad extracelular. Estas moléculas no circulan intactas, sino que sufren cortes endonucleolíticos que no las desestabilizan por completo, de modo que circulan como ARNs dañados. Los métodos habituales de extracción y secuenciación inducen su disociación in vitro y generan fragmentos pequeños y poco informativos. Para evitarlo desarrollamos REJOIN-seq, un método de purificación nativa y reparación previa a la secuenciación que recupera información de la molécula completa. Aplicado a ARNs de transferencia extracelulares, alcanza resolución a nivel de isodecodificadores, lo que permite explotar toda la información de estas moléculas y mejorar la performance analítica de las biopsias líquidas basadas en ARN extracelular para la detección precoz del cáncer. Los resultados en cáncer de pulmón muestran una excelente capacidad discriminatoria entre pacientes y controles, buena sensibilidad para tumores incipientes y buena especificidad frente a pacientes con otras enfermedades pulmonares, como la EPOC.

RESPONSE IN EARLY-ONSET TRIPLE-NEGATIVE BREAST CANCER

Murillo Carrasco A.¹, Paccez J.¹, Lobo e Mendonça M. C.¹, Ferreira Alves M. J.¹, Uno M.¹, Furuya T. K.¹, Andrade L. N. S.¹, Chammas R.^{1,†} Comprehensive Center for Precision Oncology, Universidade de São Paulo (USP), Brasil. agmurilloc@usp.br.

Breast cancer diagnosed before age 40 includes an early-onset population in which triple-negative breast cancer (TNBC) lacks robust minimally invasive biomarkers. We previously identified hsa-miR-511-5p as increased in TNBC plasma ($\log_2FC=1.45$; $p=0.028$). Analysis of single-cell RNA-seq data from breast tumors (E-GEOD-75688) showed downregulation of high-confidence predicted targets of hsa-miR-511-5p, including MAP3K2, PAK2 and CNOT7, in TNBC T cells, supporting a potential tumor-immune regulatory axis. We subsequently evaluated longitudinal extracellular vesicle-associated miRNAs (EV-miRNAs) during treatment in early-onset TNBC. hsa-miR-511-5p trajectories differed according to pathological response: complete responders ($n=11$) showed marked temporal shifts, including signals approaching the detection limit, whereas partial responders ($n=17$) more frequently maintained detectable signals. Progressive disease cases ($n=3$) displayed distinct temporal patterns, although interpretation is limited by sample size. A broader EV-miRNA panel also revealed response-associated differences in longitudinal median profiles and within-group consistency across collection phases. Overall, these findings suggest that EV-miRNAs reflect dynamic molecular and tumor-immune changes during treatment and support their potential as minimally invasive biomarkers of therapeutic response in early-onset TNBC.

miR-124-2, miR-92-A1 y miR-372 REGULAN LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN UN MODELO MATEMÁTICO DE LA PROGRESIÓN DEL CARCINOMA DUCTAL IN SITU (CDIS) AL CÁNCER DE MAMA MICROINVASIVO

Chinchilla R.¹, Mora-Rodríguez R.^{1,†} Centro de Investigación en Cirugía y Cáncer (CICICA), Universidad de Costa Rica (UCR), Costa Rica. ricardo.chinchilla_m@ucr.ac.cr.

El cáncer de mama es una enfermedad genética ampliamente estudiada que presenta una clara división entre una etapa inicial, que comienza con la hiperplasia ductal atípica, progresa a carcinoma ductal in situ y termina, aunque no necesariamente, con el cáncer de mama invasivo. No obstante, si el cáncer de mama invasivo ha colonizado

menos de 1 mm del estroma sano, se clasifica como carcinoma microinvasivo de mama. Nuestra hipótesis plantea que los genes diferencialmente expresados en las células tumorales del carcinoma en etapas tempranas están regulados por miARN y factores de transcripción (TF) específicos que estimulan la progresión hacia una etapa invasiva. Nuestro objetivo principal fue desarrollar un modelo mínimo capaz de explicar este comportamiento e identificar miARN prometedores como blancos terapéuticos potenciales. Mediante el uso de BioNetUCR y COPASI, y aplicando un enfoque de biología de sistemas, identificamos los miARN miR-372, miR-124-2 y miR-92-A1, los cuales modifican la expresión génica diferencial en la etapa de carcinoma microinvasivo de mama (MIBC). Estos miARN tienen potencial como blancos terapéuticos para futuras estrategias de tratamiento, al suprimir la transición del carcinoma ductal in situ (DCIS) al cáncer de mama invasivo (IBC). Existen pocos estudios sobre la transición de DCIS a MIBC; sin embargo, mediante este enfoque computacional presentamos uno de los primeros modelos *in silico* para este tipo de transición celular.

NUEVOS ABORDAJES DE GENÉTICA ESTADÍSTICA APLICADA AL MEJORAMIENTO VEGETAL Y ANIMAL

Lado B.¹, Quezada M.^{1,1} Facultad de Agronomía, Universidad de la República (Udelar), Montevideo, Uruguay.

Este simposio tiene como objetivo difundir y discutir los avances y contribuciones recientes en la aplicación e integración de nuevas tecnologías en programas de mejoramiento vegetal y animal. Reúne especialistas en genética cuantitativa, estadística, genómica e inteligencia artificial aplicada al mejoramiento vegetal y animal, con el fin de presentar avances metodológicos recientes para la caracterización y predicción de caracteres complejos, así como nuevas herramientas para la toma de decisiones en programas de mejoramiento.

BREEDING IN THE OMICS ERA

Gutiérrez Chacón L.^{1,1} Swedish University of Agricultural Sciences (SLU), Ultuna, Uppsala, Suecia. Lucia.Gutierrez.Chacon@slu.se.

Plant breeding plays an increasingly important role in addressing food security, climate adaptation, and sustainable agricultural production. Advances in quantitative genetics, statistics, and data science have transformed breeding into a predictive discipline that integrates information across biological and environmental scales. Our research has contributed to this transition through the development of omics based methods that improve selection decisions, characterize genotype-by-environment interactions, and accelerate genetic gain in crop improvement programs. We will discuss how the omics era is reshaping plant breeding through the integration of multiple and rich data streams. We will discuss advances in genomics and big-data analytics, including genomic prediction as key drivers of breeding; the emerging field of enviromics and incorporating environmental information into breeding decisions and improving predictions across target environments; and advances in phenomics, enabled by high-throughput phenotyping and imaging technologies as tools for collecting complex trait information efficiently and at scale. We will also examine how metabolomics can complement genomic information by providing insights into the physiological mechanisms underlying adaptation and productivity. Finally, developments in breeding analytics, including optimized experimental designs and data integration strategies, will illustrate how breeding programs can maximize the value of genomic, phenomic, metabolomic, and environmental data. Together, these approaches demonstrate how integrating genomics, phenomics, metabolomics, and enviromics can enhance breeding efficiency and support the development of resilient, productive, and sustainable crop varieties.

NEW METHODOLOGICAL ADVANCES IN ANIMAL BREEDING AND GENETICS

Bermann M.^{1,2}, Mitszal I.², Lourenco D.^{2,1} University of Georgia (UGA), Georgia, Estados Unidos ² Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, Athens, Estados Unidos. mbermann@uga.edu.

Animal breeding and genetics are evolving toward larger datasets and more complex traits. Classical production goals now include fitness and welfare, while lower genotyping and phenotyping costs have produced larger datasets. The widespread use of crossbred animals has created a need for multibreed evaluations. Producers, companies, and breeders' associations increasingly demand frequent evaluations of large datasets including Gaussian and categorical traits. Statistical and computational methods must therefore keep pace. The joint

analysis of Gaussian and categorical traits can be performed with the multiple-trait threshold-linear model, while multibreed evaluations can use metafounders. This talk presents recent theoretical and computational advances in these areas and variance-component estimation. Until recently, multiple-trait threshold-linear models could be fit only with the Gibbs sampler, making routine evaluation impractical. We developed a maximum a posteriori method based on the posterior log density to efficiently fit these models, including large pedigrees and hundreds of thousands of genotyped animals. Metafounders model breed differences, handle missing pedigrees, and ensure compatibility between pedigree and genomic relationship matrices; their covariance can be estimated using the pseudo expectation-maximization algorithm. Monte Carlo single-step G-REML replaces costly matrix inversion with sampled quadratic forms, enabling variance-component estimation in routine datasets. Larger datasets and complex models require novel statistical and computational methods to improve genetic progress. Education in mathematics, statistics, and programming is critical for continued development.

COMPUTER VISION FOR HIGH-THROUGHPUT LIVESTOCK PHENOTYPING

Schultz E. B.^{1,1} Federal University of Viçosa, Department of Animal Science, Brasil, erica.schultz@ufv.br.

Phenotyping is a critical component of animal breeding programs; however, conventional approaches are often constrained by high costs, limited measurement frequency, and low scalability. Artificial intelligence provides new opportunities for the automated, continuous, and non-invasive acquisition of phenotypic information, supporting high-throughput phenotyping in livestock populations. Image-based approaches can be applied to individual animal identification and the acquisition of biometric and morphometric traits, as well as to the prediction of performance-related and difficult-to-measure phenotypes. Current applications include body weight estimation, assessment of body conformation and locomotion, characterization of responses to heat stress, estimation of methane-related traits, and evaluation of product quality. The integration of image-derived phenotypes into breeding programs may increase the scale, frequency, and diversity of phenotypic records, thereby improving the characterization of traits associated with productivity, efficiency, and environmental resilience. Nevertheless, large-scale implementation remains challenged by environmental variability, data availability, and model robustness under field conditions. Advances in multimodal data integration, pre-trained models, and edge computing are expected to enhance the robustness and scalability of computer vision-based phenotyping, strengthening its contribution to genetic evaluation and livestock improvement.

ESTIMATING THE GENETIC ARCHITECTURE OF QUANTITATIVE TRAITS IN POLYPLOID SPECIES

Franco Garcia A. A.^{1,1} Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Brasil. augusto.garcia@usp.br.

The study of genetic architecture in polyploid plant species remains challenging due to their complex, highly redundant genomes. Accurate information from molecular markers and genome assemblies is required to estimate linkage maps and localize loci controlling quantitative trait variation (QTL). In this talk, I will present recently developed statistical methods that enable precise individual genotyping in segregating populations, accurate linkage estimation and phasing, haplotype reconstruction, and robust QTL mapping. Using seed retention in *Megathyrsus maximus* (guinea grass)—an autotetraploid tropical forage grass—as a case study, I will demonstrate how the appropriate application of statistical models and specialized software provides actionable genomic insights for breeding complex polyploid species.

COPA GENÓMICA LATAM 2026: RETO DE CONOCIMIENTOS PARA ESTUDIANTES

Rincón Redondo J. S.¹, Gómez Moreno P.², Sanhueza Monsalves E.³ ¹ Pontificia Universidad Javeriana / DNA Institute, Colombia ² Hospital Infantil de México "Federico Gómez" (HIM), México ³ Hospital Clínico Universidad de Chile, Chile.

La Copa Genómica Latam 2026 es el concurso de conocimientos en genética y genómica que reunirá a estudiantes de pregrado y posgrado de toda Latinoamérica, el último día del XX Congreso Latinoamericano de Genética, en Montevideo. Los participantes competirán en equipos internacionales formados al azar, mediante Kahoot, en un formato eliminatorio de cinco fases. ¡Una jornada de aprendizaje, integración y sana competencia entre los futuros genetistas de la región!
