

CARRERA DEL INVESTIGADOR CIENTÍFICO Y TECNOLÓGICO

Informe Científico¹

PERIODO ²: 2013

Legajo N°:

1. DATOS PERSONALES

APELLIDO: Di Rocco

NOMBRES: Florencia

Dirección Particular: Calle: N°:

Localidad: City Bell CP: 1896 Tel:

Dirección electrónica (donde desea recibir información): fdirocco@imbice.gov.ar

2. TEMA DE INVESTIGACION

Estudio de genes candidatos para el color de capa en camélidos

3. DATOS RELATIVOS A INGRESO Y PROMOCIONES EN LA CARRERA

INGRESO: Categoría: Asistente Fecha: 9/08/2010

ACTUAL: Categoría: Asistente desde fecha: 9/08/2010

4. INSTITUCION DONDE DESARROLLA LA TAREA

Universidad y/o Centro: IMBICE

Facultad:

Departamento:

Cátedra:

Otros: Laboratorio de Genética Molecular

Dirección: Calle: 526 y 11 N°: s/n

Localidad: La Plata CP: 1900 Tel: 221-4210112

Cargo que ocupa: Investigador

5. DIRECTOR DE TRABAJOS. (En el caso que corresponda)

Apellido y Nombres: Lidia Vidal Rioja

Dirección Particular: Calle: N°:

Localidad: La Plata CP: 1900 Tel:

Dirección electrónica: lvidalrioja@imbice.gov.ar

¹ Art. 11; Inc. "e" ; Ley 9688 (Carrera del Investigador Científico y Tecnológico).

² El informe deberá referenciar a años calendarios completos. Ej.: en el año 2008 deberá informar sobre la actividad del período 1°-01-2006 al 31-12-2007, para las presentaciones bianuales.

Firma del Director (si corresponde)

Firma del Investigador

6. EXPOSICION SINTETICA DE LA LABOR DESARROLLADA EN EL PERIODO.

Debe exponerse, en no más de una página, la orientación impuesta a los trabajos, técnicas y métodos empleados, principales resultados obtenidos y dificultades encontradas en el plano científico y material. Si corresponde, explicita la importancia de sus trabajos con relación a los intereses de la Provincia.

La cría de camélidos, tradicionalmente limitada a las regiones andinas, en los últimos años se ha extendido a zonas extra puneñas, entre ellas, la provincia de Buenos Aires. Estos nuevos emprendimientos, generalmente comienzan con unos pocos animales provenientes de Catamarca y Jujuy.

En el noroeste argentino, los sistemas de crianza, la cosanguinidad de los rebaños, y la hibridación de las especies domésticas, han conducido a una disminución notable la calidad de la fibra de las llamas así como también a un aumento de la incidencia de malformaciones congénitas en estos animales. El conocimiento de la diversidad genética de las poblaciones, la identificación de animales híbridos, y el registro de las relaciones de parentesco, es fundamental para la aplicación de programas de mejora, conservación y utilización sustentable de de esta especie.

Cumpliendo con lo propuesto en el plan de trabajo del período anterior, durante el año 2013 se continuó con el estudio marcadores moleculares útiles en la detección de híbridos en camélidos sudamericanos domésticos. Se seleccionaron 4 marcadores informativos, dos SNPs y dos indels. Estos polimorfismos, se estudiaron mediante secuenciación y electroforesis en agarosa, en una muestra de 104 camélidos de las 4 especies, que se utilizaron como referencia. Además, estos marcadores se tipificaron en una población de llamas (n=34) de Laguna Blanca, Catamarca con el objeto de identificar y cuantificar animales híbridos. Un 20% de estos animales mostraron evidencia de mezcla analizando estos marcadores nucleares. Además se estudió el ADN mitocondrial en la misma población, observándose también introgresión por vía materna.

Otra línea de trabajo incluyó el estudio de genes candidatos para el color de capa en llama. Se analizaron dos genes, uno que codifica el receptor 1 de melanocortina (MC1R), y otro la proteína de señalización Agouti (ASIP), ambos involucrados en la síntesis de melaninas. El ADN se extrajo a partir de muestras de sangre de animales de distintos fenotipos de color y mediante la técnica de PCR y secuenciación directa se tipificaron los animales. En base a los datos genotípicos se infirieron los haplotipos y se describieron tres variantes alélicas mayoritarias para el gen MC1R. Una de ellas, MC1R mostró asociación ($P < 0.001$) con el fenotipo blanco no albino, mientras que otra MC1R*1 se observó en todos los fenotipos coloreados. Además el gen ASIP, presentó una delección de 57 pb y una sustitución no sinónima (R98C), ambos en una región funcionalmente importante. Estos polimorfismos en homocigosis se encontraron en alta frecuencia en animales de capa eumelánica (marrón oscura o negra), y en particular, no se observó la delección en ninguno de los individuos de capa feomelánica (marrón rojizo) El estudio de estas variantes en una familia de llamas evidenció un patrón complejo de herencia del color de capa, con otros genes involucrados, además de los estudiados.

El avance en el estudio del rol de los genes que intervienen en la melanogénesis o en rutas relacionadas, y la identificación de las variaciones responsables de los distintos fenotipos, permitirá la implementación de programas de selección asistidos por marcadores moleculares.

7. TRABAJOS DE INVESTIGACION REALIZADOS O PUBLICADOS EN ESTE PERIODO.

7.1 PUBLICACIONES. *Debe hacer referencia exclusivamente a aquellas publicaciones en las que haya hecho explícita mención de su calidad de Investigador de la CIC (Ver instructivo para la publicación de trabajos, comunicaciones, tesis, etc.). Toda publicación donde no figure dicha mención no debe ser adjuntada porque no será tomada en consideración. A cada publicación, asignarle un número e indicar el nombre de los autores en el mismo orden que figuran en ella, lugar donde fue publicada, volumen, página y año. A continuación, transcribir el resumen (abstract) tal como aparece en la publicación. La copia en papel de cada publicación se presentará por separado. Para cada publicación, el investigador deberá, además, aclarar el tipo o grado de participación que le cupo en el desarrollo del trabajo y, para aquellas en las que considere que ha hecho una contribución de importancia, deberá escribir una breve justificación.*

7.2 TRABAJOS EN PRENSA Y/O ACEPTADOS PARA SU PUBLICACIÓN. *Debe hacer referencia exclusivamente a aquellos trabajos en los que haya hecho explícita mención de su calidad de Investigador de la CIC (Ver instructivo para la publicación de trabajos, comunicaciones, tesis, etc.). Todo trabajo donde no figure dicha mención no debe ser adjuntado porque no será tomado en consideración. A cada trabajo, asignarle un número e indicar el nombre de los autores en el mismo orden en que figurarán en la publicación y el lugar donde será publicado. A continuación, transcribir el resumen (abstract) tal como aparecerá en la publicación. La versión completa de cada trabajo se presentará en papel, por separado, juntamente con la constancia de aceptación. En cada trabajo, el investigador deberá aclarar el tipo o grado de participación que le cupo en el desarrollo del mismo y, para aquellos en los que considere que ha hecho una contribución de importancia, deberá escribir una breve justificación.*

7.3 TRABAJOS ENVIADOS Y AUN NO ACEPTADOS PARA SU PUBLICACION. *Incluir un resumen de no más de 200 palabras de cada trabajo, indicando el lugar al que han sido enviados. Adjuntar copia de los manuscritos.*

Daverio MS, Lorenzo Y, Rigalt F, Vidal Rioja L, Di Rocco F "Genetic diversity of GH1 and LEP genes in Argentine llama (Lama glama) populations" En revisión en la revista Small Ruminant Research.

Abstract:

Compared to other domestic species, little is known about variability of genes related to energetic metabolism and growth in camelids. Here, we have analyzed leptin (LEP) and growth hormone (GH1) genes and characterized their variability in three local llama (Lama glama) populations from the Argentine Northwest. Eleven novel SNPs and one indel were identified in the Lep gene. In total, eight haplotypes were found for LEP and seven for GH1. Although geographical origin clustering was not observed, SNP and haplotype frequencies varied significantly among populations. Based on variation of both loci, we detected significant genetic differentiation measured through Fst values.

Network analysis of LEP gene supported the well-documented history of hybridization in camelids previously identified by mtDNA analysis.

7.4 TRABAJOS TERMINADOS Y AUN NO ENVIADOS PARA SU PUBLICACION. *Incluir un resumen de no más de 200 palabras de cada trabajo.*

Anello M, Daverio MS, Silbetro M, Romero SR, Rigalt F, Vidal Rioja L, Di Rocco F
"Genetic diversity and conservation status of managed vicuña (*Vicugna vicugna*)
populations in Argentina"

Abstract

The vicuña (*Vicugna vicugna*) was near extinction at the end of the decade of 1960. While there has been a notable numerical recovery of this species, the impact of past demographic history on genetic diversity is still unknown. Currently, in Argentina, two alternative management plans, which include a semi-captive breeding program and management in the wild, are implemented in Jujuy and Catamarca provinces, respectively. Here, we analyzed genetic variation at ten microsatellite loci and one mitochondrial fragment in five vicuña populations under both management systems. Levels of genetic variation within populations were high for both type of markers and there was no evidence of inbreeding in any of them. Genetic differentiation between populations ranged from 0.007 to 0.148 for microsatellite data. Overall, heterozygosity excess based tests failed to detect recent bottlenecks. However, values obtained for Garza-Williamson index, were in all cases below the critical value M_c , thus providing evidence for past bottleneck events in vicuña populations. Results of this work are relevant for vicuña plan managements in Argentina.

7.5 COMUNICACIONES. *Incluir únicamente un listado y acompañar copia en papel de cada una. (No consignar los trabajos anotados en los subtítulos anteriores).*

Las comunicaciones presentadas en congresos se detallan en el apartado 13.

7.6 INFORMES Y MEMORIAS TECNICAS. *Incluir un listado y acompañar copia en papel de cada uno o referencia de la labor y del lugar de consulta cuando corresponda.*

1. Estudio de la diversidad genética de las poblaciones de vicuñas de la Reserva de Laguna Blanca. Informe elevado a la Subsecretaría de Ambiente de la Provincia de Catamarca

2. Análisis de la diversidad genética de la población de vicuñas en cautiverio de la EEA-Abra Pampa. Informe realizado a pedido del INTA-Abra Pampa, Jujuy.

8. TRABAJOS DE DESARROLLO DE TECNOLOGÍAS.

8.1 DESARROLLOS TECNOLÓGICOS. *Describir la naturaleza de la innovación o mejora alcanzada, si se trata de una innovación a nivel regional, nacional o internacional, con qué financiamiento se ha realizado, su utilización potencial o actual por parte de empresas u otras entidades, incidencia en el mercado y niveles de facturación del respectivo producto o servicio y toda otra información conducente a demostrar la relevancia de la tecnología desarrollada.*

8.2 PATENTES O EQUIVALENTES. *Indicar los datos del registro, si han sido vendidos o licenciados los derechos y todo otro dato que permita evaluar su relevancia.*

8.3 PROYECTOS POTENCIALMENTE TRANSFERIBLES, NO CONCLUIDOS Y QUE ESTAN EN DESARROLLO. *Describir objetivos perseguidos, breve reseña de la labor realizada y grado de avance. Detallar instituciones, empresas y/o organismos solicitantes.*

8.4 OTRAS ACTIVIDADES TECNOLÓGICAS CUYOS RESULTADOS NO SEAN PUBLICABLES *(desarrollo de equipamientos, montajes de laboratorios, etc.).*

8.5 Sugiera nombres (e informe las direcciones) de las personas de la actividad privada y/o pública que conocen su trabajo y que pueden opinar sobre la relevancia y el impacto económico y/o social de la/s tecnología/s desarrollada/s.

- 9. SERVICIOS TECNOLÓGICOS.** Indicar qué tipo de servicios ha realizado, el grado de complejidad de los mismos, qué porcentaje aproximado de su tiempo le demandan y los montos de facturación.

Integrante del Servicio de Identificación Genética del IMBICE.

Responsable: Dra. Lidia Vidal Rioja

Servicio Tecnológico de Alto Nivel (STAN CONICET)

Porcentaje de dedicación: 30%

Facturación: \$ 35.000

- 10. PUBLICACIONES Y DESARROLLOS EN:**

10.1 DOCENCIA

10.2 DIVULGACIÓN

- 11. DIRECCION DE BECARIOS Y/O INVESTIGADORES.** Indicar nombres de los dirigidos, Instituciones de dependencia, temas de investigación y períodos.

- 12. DIRECCION DE TESIS.** Indicar nombres de los dirigidos y temas desarrollados y aclarar si las tesis son de maestría o de doctorado y si están en ejecución o han sido defendidas; en este último caso citar fecha.

-Lic. Melina Anello, Dirección de Tesis de Licenciatura en Biotecnología y Biología Molecular. Facultad de Ciencias Exactas (UNLP). Título: "Validación de 10 marcadores de ADN tipo microsátélites para estudios de diversidad genética y paternidad en vicuñas". Fecha de defensa: 25 de marzo de 2013.

- Estudiante Yesica Lorenzo. Dirección de Tesis de Licenciatura en Biotecnología y Biología Molecular. Facultad de Ciencias Exactas (UNLP). Título: "Identificación de marcadores moleculares diagnósticos para la detección de híbridos en camélidos sudamericanos domésticos" En ejecución

-Lic. María Silvana Daverio. Co- Dirección de Tesis Doctoral: Facultad de Ciencias Exactas, UNLP. Lugar de trabajo: IMBICE (CICPBA-CONICET) Tema: "Caracterización de genes vinculados al crecimiento y al color de capa en la llama (Lama glama)". En ejecución

- 13. PARTICIPACION EN REUNIONES CIENTIFICAS.** Indicar la denominación, lugar y fecha de realización, tipo de participación que le cupo, títulos de los trabajos o comunicaciones presentadas y autores de los mismos.

Comunicaciones:

1. Anello M, Daverio MS, Silbestro MB, Di Rocco F, Vidal Rioja L. Evaluación de 10 marcadores STRs para estudios genéticos en llamas. Primer Congreso Internacional Científico Tecnológico de la provincia de Buenos Aires. Organizado por la CICPBA 19 y 20 de septiembre de 2013, La Plata.

2. Lorenzo YE, Daverio MS, Vidal Rioja LB, Johnson WE, Di Rocco F. Identificación de marcadores moleculares útiles en la detección de híbridos en camélidos

sudamericanos domésticos XLII Congreso Argentino de Genética. 20 al 23 de octubre de 2013. Salta, Argentina (Expositor)

3. Anello M, Daverio MS, Romero SR, Rigalt F, Vidal Rioja L, Di Rocco F. Estudio de la diversidad genética en poblaciones de vicuñas bajo distintos sistemas de manejo. XLII Congreso Argentino de Genética. 20 al 23 de octubre de 2013. Salta, Argentina.

4. Daverio MS, F Di Rocco, F Rigalt, S Romero, L Vidal Rioja. MC1R Y ASIP: genes involucrados en definir el color de capa en llamas. XLII Congreso Argentino de Genética. 20 al 23 de octubre de 2013. Salta, Argentina.

- 14. CURSOS DE PERFECCIONAMIENTO, VIAJES DE ESTUDIO, ETC.** *Señalar características del curso o motivo del viaje, período, instituciones visitadas, etc.*
- 15. SUBSIDIOS RECIBIDOS EN EL PERIODO.** *Indicar institución otorgante, fines de los mismos y montos recibidos.*
Subsidio Institucional CICPBA- \$ 6000
- 16. OTRAS FUENTES DE FINANCIAMIENTO.** *Describir la naturaleza de los contratos con empresas y/o organismos públicos.*
- 17. DISTINCIONES O PREMIOS OBTENIDOS EN EL PERIODO.**
- 18. ACTUACION EN ORGANISMOS DE PLANEAMIENTO, PROMOCION O EJECUCION CIENTIFICA Y TECNOLÓGICA.** *Indicar las principales gestiones realizadas durante el período y porcentaje aproximado de su tiempo que ha utilizado.*
- 19. TAREAS DOCENTES DESARROLLADAS EN EL PERIODO.** *Indicar el porcentaje aproximado de su tiempo que le han demandado.*
Docente del Módulo de Genética Forense del Curso de posgrado "Actualización en Genética Humana". Dictado en el IMBICE (CONICET), La Plata. Mayo a Septiembre de 2013
Tiempo dedicado: 10%
- 20. OTROS ELEMENTOS DE JUICIO NO CONTEMPLADOS EN LOS TITULOS ANTERIORES.** *Bajo este punto se indicará todo lo que se considere de interés para la evaluación de la tarea cumplida en el período.*
Organización del Curso de posgrado "Actualización en Genética Humana". Dictado en el IMBICE (CONICET), La Plata. Mayo a Septiembre de 2013.
Tipo de participación: Secretaria
- 21. TITULO Y PLAN DE TRABAJO A REALIZAR EN EL PROXIMO PERIODO.** *Desarrollar en no más de 3 páginas. Si corresponde, explicita la importancia de sus trabajos con relación a los intereses de la Provincia.*
Titulo: Estudio de genes relacionados al color de capa en llamas

La llama (Lama glama) es el camélido doméstico más abundante en Argentina.

Estudios de los atributos morfológicos de las llamas argentinas llevados a cabo en la provincia de Jujuy, han demostrado que las tropas estudiadas tienen un alto potencial de producción de fibra y grandes posibilidades de transformación por medio de programas de mejoramiento genético (Hick et al, 2009)

Contrastando con el color de capa uniforme de su ancestro silvestre, el guanaco, las llamas presentan una enorme variedad de colores producto probablemente de la domesticación. En el noroeste argentino, los tipos 'cara y extremidades negras', 'tapado claro' o feomelánico y 'tapado oscuro' o eumelánico son los patrones pigmentarios que se observan más frecuentemente. Debido a su mayor valor en el mercado textil, los colores uniformes son preferidos por sobre los manchados, siendo el blanco, el negro y los colorados, los más valiosos.

La herencia del color de capa en llama parece ser particularmente compleja. Además, la falta de conocimiento de las bases moleculares de la determinación del color en esta especie, hace que los apareamientos basados solo en el fenotipo del animal den resultados no deseados o difíciles de predecir. La baja frecuencia en las tropas de algunos fenotipos de colores deseables y la falta de uniformidad en los mismos son otros aspectos a resolver.

Resultados obtenidos en nuestro laboratorio, muestran una asociación entre alelos de los genes ASIP y MC1R y la producción de fenotipos eumelánicos, feomelánicos y blancos (Daverio et al, 2013). Sin embargo la asociación no es completa, lo que sugiere la intervención de otros genes o la presencia de mutaciones en las regiones regulatorias de los genes ya estudiados, en la determinación del color.

El gen KIT tiene un rol central en la melanogénesis y en la migración y proliferación del melanoblasto. Se sabe que mutaciones en este gen pueden originar fenotipos blancos o manchados. En caballos se han descrito hasta ahora 12 mutaciones responsables del blanco dominante y de fenotipos tales como el manchado en patrones como el sabino (Brooks y Bailey, 2005; Haase y col., 2007, 2009). En cerdos, se han identificado alelos del gen KIT que causan franjas o manchas blancas o blanco total (Giuffra y col., 1999; Pielberg y col., 2002).

Objetivos

El objetivo general de este plan de trabajo es continuar el estudio a nivel molecular genes claves en la ruta de síntesis de los pigmentos y determinar su rol en la producción de color de capa en llamas

Para ello se abordarán los siguientes objetivos específicos:

- Caracterizar el gen KIT y describir las variantes alélicas del mismo en llamas
- Desarrollar un sistema rápido y de bajo costo para la detección de los polimorfismos en los genes KIT, ASIP y MC1R

Materiales y métodos

Muestras

Para la identificación inicial de variantes alélicas de del gen KIT, se utilizarán 15 muestras correspondientes a 5 llamas blancas (ausencia de color), 5 manchadas y 5 con patrones pigmentados uniformes.

Para poder confirmar la asociación entre variantes alélicas o polimorfismos con un determinado fenotipo de color se diseñarán marcadores específicos que permitan genotipar un gran número de animales de una manera sencilla, rápida y de bajo costo.

Por cada animal se registrará el fenotipo, se tomará una fotografía y en los casos que sea posible, una muestra de fibra. Los muestreos se realizarán con la colaboración

del Ing. Francisco Rigalt del (INTA Catamarca), del Dr. Emilio de Simone (UBA), y del Sr. Gustavo Maluendez, propietario de la cabaña "Gulla" (La Plata)

Extracción de ARN

Se extraerá ARN de biopsias de piel de 4 mm de diámetro, obtenidas con un sacabocado previa rasuración de la zona y aplicación de un anestésico local. Las muestras obtenidas se almacenarán en RNAlater® hasta su traslado al laboratorio, donde se conservarán a -20 C hasta el momento de procesarlas. Alternativamente, se utilizarán muestras de fibra.

El ARN se obtendrá mediante homogeneización en Trizol (Invitrogen), siguiendo el protocolo del fabricante. Luego se resuspenderá en agua estéril y se cuantificará midiendo la absorbancia. Para la obtención de cDNA total a partir del ARNm obtenido, se realizará primero una reacción de PCR de fase reversa (RT-PCR) utilizando la enzima Superscript III (Invitrogen) y random primers.

A partir del cDNA obtenido se amplificará y secuenciará el gen KIT, con primers diseñados sobre el genoma de la alpaca. Los polimorfismos se identificarán mediante el alineamiento de las secuencias y al análisis de los electroferogramas obtenidos

Diseño de marcadores específicos del gen de interés

Una vez identificados los polimorfismos, se diseñarán marcadores específicos para su detección en los ensayos con animales clasificados por color de capa. El diseño va a depender del tipo de polimorfismo que se encuentre en la secuencia del gen en estudio.

Cuando la variabilidad sea por una inserción/delección (indel) se diseñarán primers que flanqueen el indel para generar productos de PCR que puedan ser discriminados por electroforesis en agarosa (más de 10 pb de diferencia) o por electroforesis en poliacrilamida (menos de 10 pb).

Si la única diferencia son polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) entonces se diseñará un marcador para detectarlo, por ejemplo, por amplificación alelo-específica (ASA). Por cada individuo se deberán hacer 2 reacciones de PCR usando un primer común (Fw o Rv, depende del mejor diseño) y dos primers que diferirán en la base del extremo 3'. Se harán 2 reacciones independientes por cada individuo usando en cada una de ellas los primers que difieren en 3': sólo una de las combinaciones dará producto de PCR y en función de ello podremos discriminar cuál de las formas del SNP tiene el individuo. Los alelos de este marcador se distinguirán por electroforesis en agarosa.

En caso de que la región donde se encuentra el polimorfismo no fuera apta para el diseño de primers para el estudio por ASA se recurrirá a la técnica de clivaje con enzimas de restricción (PCR-RFLP).

Para estudiar la relación de las variantes de KIT con los fenotipos blancos uniformes o la presencia de manchas blancas se tipificarán los polimorfismos de interés en tres grupos:

- A- animales pigmentados uniformes
- B -animales pigmentados con presencia de manchas blancas
- C -animales blancos uniformes

La asociación entre las variantes y el fenotipo de interés se estudiarán mediante un test de Fisher

Bibliografía

Hick MVH, Lamas HE, Echenique J, Prieto A, Castillo MF, Frank NE (2009). Estudio demográfico de los atributos morfológicos y productivos en poblaciones de Llamas

(Lama glama) de la provincia de Jujuy, Argentina. *Animal Genetic Resources Information*, FAO, 45: 71–78.

Brooks SA, Bailey E.(2005) Exon skipping in the KIT gene causes a Sabino spotting pattern in horses. *Mamm Genome*.16(11):893-902.

Daverio MS, F Di Rocco, F Rigalt, S Romero, L Vidal Rioja. MC1R Y ASIP: genes involucrados en definir el color de capa en llamas. XLII Congreso Argentino de Genética. 20 al 23 de octubre de 2013. Salta, Argentina.

Giuffra E, Evans G, Tornsten A, Wales R, Day A, Looft H, Plastow G, Andersson, L (1999). The belt mutation in pigs is an allele at the dominant white (I/KIT) locus. *Mamm Genome* 10, 1132–1136.

Haase B, Brooks SA, Schlumbaum A, Azor PJ, Bailey E, Alaeddine F, Mevissen M, Burger D, Poncet PA, Rieder S, Leeb T (2007). Allelic heterogeneity at the equine KIT Locus in dominant white (W) horses. *PLoS Genetics* 3 (11), e195.

Haase B, Brooks SA, Tozaki T, Burger D, Poncet PA, Rieder S, Hasegawa T, Penedo C, Leeb T (2009). Seven novel KIT mutations in horses with white coat colour phenotypes. *Anim Genet* 40, 623–629.

Pielberg G, Olsson C, Syvänen AC, Andersson L (2002) Unexpectedly high allelic diversity at the KIT locus causing dominant white color in the domestic pig. *Genetics* 160, 305-311

Condiciones de la presentación:

- A. El Informe Científico deberá presentarse dentro de una carpeta, con la documentación abrochada y en cuyo rótulo figure el Apellido y Nombre del Investigador, la que deberá incluir:
 - a. Una copia en papel A-4 (puntos 1 al 21).
 - b. Las copias de publicaciones y toda otra documentación respaldatoria, en otra carpeta o caja, en cuyo rótulo se consignará el apellido y nombres del investigador y la leyenda “Informe Científico Período”.
 - c. Informe del Director de tareas (en los casos que corresponda), en sobre cerrado.
- B. Envío por correo electrónico:
 - a. Se deberá remitir por correo electrónico a la siguiente dirección: infinvest@cic.gba.gov.ar (puntos 1 al 21), en formato .doc zipeado, configurado para papel A-4 y libre de virus.
 - b. En el mismo correo electrónico referido en el punto a), se deberá incluir como un segundo documento un currículum resumido (no más de dos páginas A4), consignando apellido y nombres, disciplina de investigación, trabajos publicados en el período informado (con las direcciones de Internet de las respectivas revistas) y un resumen del proyecto de investigación en no más de 250 palabras, incluyendo palabras clave.

Nota: El Investigador que desee ser considerado a los fines de una promoción, deberá solicitarlo en el formulario correspondiente, en los períodos que se establezcan en los cronogramas anuales.