

# GPE

## GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

## POPULATION GENETICS AND EVOLUTION



## GPE 1

## ANÁLISIS DEL APORTE NATIVO Y DISTRIBUCIÓN DE HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES EN LA POBLACIÓN ARGENTINA ACTUAL

Mayordomo A.C., R.L. Fernández, C.P. Velez, L.M. Catoira, N. Furman, M. Herrera Piñero, F.L. Gagliardi. Banco Nacional de Datos Genéticos (BNDG), CABA, Argentina. E-mail: conymayordomo@gmail.com

El análisis de ADN mitocondrial (ADNmt) permite distinguir patrones geográficos de distribución de linajes y su análisis evidencia la configuración genética del aporte femenino a las poblaciones, resultando de gran utilidad para la interpretación de la historia de las migraciones humanas. Con el objetivo de estudiar la proporción y distribución del aporte de cada origen materno (nativoamericano, euroasiático y africano) así como de los linajes mitocondriales fundadores en las cinco regiones geográficas del territorio argentino determinadas por el Instituto Nacional de Estadística y Censos, se analizó la región control del ADNmt en 2.711 muestras hemáticas de individuos de ambos sexos, no relacionados entre sí, que nacieron y residen en Argentina y que dejaron su muestra en el Banco Nacional de Datos Genéticos en el marco de la Ley 26.548. El 68,9% de los haplotipos mitocondriales resultaron de origen nativo americano, el 26,9% euroasiático y el 4,2% correspondieron a linajes africanos, evidenciando la raíz aborigen de los linajes maternos en la población argentina. De los linajes fundadores nativos, los de mayor representación respecto del total fueron los haplogrupos (hg) C1b (24,8%), B2 (22,4%), D1 (21,8%) y A2\* (18,1%) y se detectaron en las cinco regiones estudiadas. Este estudio aporta una aproximación a la composición genética de la población argentina actual en referencia a los linajes maternos, y su distribución en las distintas regiones del país. Los resultados son consistentes con el conocimiento histórico acerca de los distintos patrones de poblamiento y con las rutas migratorias conocidas.

## GPE 2

## FILOGEOGRAFÍA DE POBLACIONES DE *Cnesterodon decemmaculatus* A DISTINTAS ESCALAS GEOGRÁFICAS EN LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Byrne M.S.<sup>1,2</sup>, P.M. Bianco<sup>1,2</sup>, L.B. Campos<sup>2,3</sup>, N.A. Ossana<sup>2,3</sup>, L. Ferrari<sup>2,3</sup>, J.I. Túnez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Ecología Molecular, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable INEDES-UNLu-CONICET, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Programa de Ecofisiología Aplicada (PRODEA), Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina. E-mail: solebyrne@gmail.com

*Cnesterodon decemmaculatus* es un pez de agua dulce, abundante en la región pampeana de Argentina, que además ha sido utilizado como bioindicador del nivel de contaminación de los cursos de agua a lo largo de su distribución. Los objetivos de este trabajo fueron evaluar la diversidad y estructura genética de poblaciones de esta especie ubicadas en cuencas del noreste de la provincia de Buenos Aires, establecer la posible relación entre la estructura genética hallada y la distribución geográfica de los ríos analizados, considerando además a poblaciones del sur de la provincia de Buenos Aires y, por último, validar el uso de la especie como bioindicadora del estado ecológico de los cuerpos de agua del noreste provincial. Se utilizó como marcador molecular un fragmento de 700 pb correspondiente a la región control del ADN mitocondrial. Los resultados indicaron para las cuencas del noreste, niveles moderados a altos de diversidad genética ( $H=0,492-0,772$ ) y la inexistencia de estructuración entre las mismas ( $\Phi_{CT}=0,038$ ,  $p=0,32$ ), que podría explicarse por eventos climáticos históricos y recientes, y a su vez valida el uso de la especie como un bioindicador, ya que los cambios que se observen en la diversidad genética serán producto de la presencia de contaminantes. Por otro lado, a escala regional, se evidenció estructuración genética ( $F_{ST}=0,973$ ,  $p<0,001$ ) que puede explicarse por la falta de conexiones físicas entre las cuencas del noreste y sur de la provincia de Buenos Aires.

### GPE 3

## ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA REGIÓN CONTROL DEL ADN MITOCONDRIAL EN POBLACIONES DE *Nezara viridula* (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE)

Perez De Rosas A.R.<sup>1,2</sup>, B.A. García<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud (INICSA-CONICET), Córdoba, Argentina. E-mail: arperez@biomed.fcm.unc.edu.ar

*Nezara viridula* es considerada una de las plagas más importantes de los cultivos de soja en nuestro país. Con el propósito de estudiar la diversidad genética de *N. viridula*, se analizó la variabilidad de un fragmento de 1.785 pb de la región control del ADN mitocondrial en 69 individuos de ocho localidades de Argentina. Se detectaron elevados niveles de diversidad genética con un valor de diversidad haplotípica (Hd) de 0,99 y valores de diversidad nucleotídica para  $\pi$  y  $\xi w$  de 0,00426 y 0,0126, respectivamente. Valores elevados de  $\pi$  y  $\xi w$  indicarían una historia evolutiva con grandes tamaños poblacionales y/o contacto secundario entre diferentes linajes de una especie. En este sentido, las pruebas de neutralidad y el análisis de “mismatch distribution”, que se utilizan para detectar cambios demográficos, sugirieron eventos de expansión poblacional. El valor global de diferenciación genética entre poblaciones no fue significativo ( $F_{ST} = 0,011$ ;  $p = 0,244$ ), al igual que la mayoría de las comparaciones entre pares de poblaciones ( $p > 0,05$ ). Además, no se detectó asociación significativa entre la distancia geográfica y la diferenciación genética ( $r = -0,139$ ;  $p = 0,742$ ). Estos resultados indicarían que la acción del flujo de genes predomina sobre la deriva génica. El análisis de asignación de individuos reveló que las poblaciones analizadas comparten ancestría, lo que sugiere que estas poblaciones habrían mantenido intercambio génico a través del tiempo. Es probable que el avance de los cultivos de soja haya fomentado la dispersión y expansión de las poblaciones de *N. viridula*.

### GPE 4

## DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Helicoverpa gelotopoeon* Dyar (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) SOBRE LA BASE DE MARCADORES MITOCONDRIALES

Herrero M.I.<sup>1</sup>, M.G. Murúa<sup>2</sup>, A. Casmuz<sup>3</sup>, G. Gastaminza<sup>3</sup>, D. Sosa Gómez<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Bioprospección y Fisiología Vegetal, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina; <sup>3</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán, Argentina; <sup>4</sup>Embrapa Soja, Londrina, Brasil. E-mail: mariainesherrero89@gmail.com

*Helicoverpa gelotopoeon* (Dyar) (Lepidoptera: Noctuidae) es miembro del complejo Heliothinae en el Noroeste Argentino y una de las plagas más importantes que afecta al cultivo de soja en el país. Actualmente, el manejo de las plagas de este complejo está basado en el uso de insecticidas y cultivos Bt. Sin embargo, varias especies del complejo Heliothinae han desarrollado resistencia a estas estrategias de manejo. En este sentido, los estudios de diversidad y estructura genética son de gran importancia para la implementación efectiva de estrategias de manejo. El ADN mitocondrial es uno de los marcadores moleculares disponibles para los estudios de insectos que han sido empleados exitosamente en lepidópteros. El objetivo de este estudio fue evaluar la diversidad y estructura genética dentro y entre poblaciones de *H. gelotopoeon* provenientes de distintas regiones y plantas hospederas de la Argentina. Para ello, se utilizaron dos marcadores de ADN mitocondrial: COI y CytB para evaluar un total de 73 individuos. Los resultados de los análisis de variabilidad genética y flujo génico de *H. gelotopoeon* indicaron, en general, una cierta estructura genética entre las poblaciones estudiadas. Las causas posibles para esta estructuración incluyen diferencias entre regiones, plantas hospederas y año de recolección. Son necesarios estudios adicionales que contemplen aspectos biológicos y ecológicos para terminar de entender el origen de la estructura genética en las poblaciones de *H. gelotopoeon*.

## GPE 5

## CLINA PARA TRES FUSIONES CÉNTRICAS EN *Cornops aquaticum* (ORTHOPTERA): UN ENFOQUE MULTIDISCIPLINARIO

Colombo P.C. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET), Argentina. E-mail: pcolombo100260@yahoo.com

*Cornops aquaticum* es un leptismino que se alimenta y ovipone exclusivamente en el camalote *Pontederia crassipes*. Esta planta neotropical se convirtió en una plaga cosmopolita de agua dulce; *C. aquaticum* se considera un potencial control biológico y se estudian intensamente su fenología y ecología. Se muestrearon 13 poblaciones sobre los ríos Paraná y Uruguay entre las latitudes 27° S y 34° S y se describieron clinas latitudinales paralelas para las fusiones céntricas 2/5, 1/6 y 3/4 cuyas frecuencias se incrementan hacia el sur. El análisis morfológico reveló que la regresión del tamaño corporal sobre el número de fusiones entre poblaciones, como en *Leptysma argentina*, es significativa. Pero en *L. argentina* las pruebas, más o menos directas, de selección natural, concernían una sola fusión, mientras que aquí tenemos tres clinas paralelas. Además, los efectos de cada fusión sobre la recombinación son los mismos en ambas especies: formación de un nuevo grupo de ligamiento y aumento de la localización distal de los quiasmas. Un estudio de microsatélites reveló que esta menor recombinación se asocia a un acervo génico empobrecido en las poblaciones deltaicas, junto a una mayor disparidad genética entre ellas y con respecto a las poblaciones “río arriba”. El desequilibrio de ligamiento resultante puede crear “supergenes” por adaptación local, una hipótesis que puede ahora ser puesta a prueba.

## GPE 6

## EVIDENCIAS DE SELECCIÓN NATURAL SOBRE LA VARIACIÓN CROMOSÓMICA EN *Leptysma argentina*

Colombo P.C. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET), Argentina. E-mail: pablocescolombo@gmail.com

*Leptysma argentina* (Acrididae: Orthoptera) presenta variación clinal para una fusión céntrica (F) y un cromosoma supernumerario (B) polimórficos entre las latitudes 27°S y 34°S que sugieren selección natural. El estudio de 10 poblaciones sobre esta transecta reveló una correlación negativa para F (y positiva para B) con la temperatura. Un tercer polimorfismo para un segmento supernumerario (S) se correlaciona negativamente con las precipitaciones. El análisis de fase gamética entre F y S reveló que los machos jóvenes estaban en equilibrio, mientras que los envejecidos no, con predominio de gametos F/B (B= sin segmento) y U/S (U= sin fusión) en estos últimos. Las frecuencias de los nueve cariotipos (para F y S) en los machos juveniles se distribuyeron de forma independiente; en los envejecidos los FF tienden a ser no segmentados, y los segmentados tienden a ser no FF, con un claro exceso de dobles heterocigotos. Esta es una evidencia de selección sobre ambos polimorfismos, dado que esta especie tiene generaciones sincrónicas. En cuanto al blanco de la selección, es evidente una asociación consistente entre tamaño corporal en ambos sexos y la presencia y dosis de F, que se correlaciona también con la latitud y el éxito reproductivo. Finalmente debe notarse que F disminuye la recombinación por: i) la disminución de grupos de ligamiento, y ii) porque la formación de quiasmas distales posibilita la formación de gametas viables. Esto favorecería la formación de supergenes, clásica especulación ya demostrada en especies donde hay supresores de la recombinación.

## GPE 7

### ANÁLISIS DEL AISLAMIENTO REPRODUCTIVO POSTCIGÓTICO ENTRE *Drosophila simulans* Y *D. melanogaster*

Turdera L., V.P. Carreira, J.J. Fanara. Instituto de Ecología, Genética y Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN), Universidad de Buenos Aires (UBA) - CONICET, CABA, Argentina. E-mail: lu.turdera@gmail.com

El modelo de Dobzhansky-Muller (D-M) postula que el aislamiento reproductivo postcigótico es consecuencia de interacciones epistáticas deletéreas entre los genomas de las especies parentales. Las especies crípticas *Drosophila melanogaster* y *D. simulans* son un excelente modelo biológico para estudiar D-M. Estas especies tienen una baja tasa de hibridación en la naturaleza, aunque ésta aumenta en el laboratorio. Nuestro objetivo es determinar si la variabilidad genética (VG) y el ambiente afectan el aislamiento postcigótico. Realizamos cruzamientos entre machos de diferentes líneas isogénicas de *D. simulans* con hembras de una única línea *D. melanogaster*. Su descendencia fue criada a dos temperaturas (17° C y 25° C) hasta la emergencia de los adultos híbridos. Registramos la cantidad de cruzamientos exitosos (presencia de adultos) y no exitosos (ausencia de adultos). El análisis demostró que la probabilidad del éxito del cruzamiento depende tanto de la línea de *D. simulans* así como de la temperatura a la cual se desarrollaron los individuos. Particularmente, observamos un incremento considerable de los mismos a 25° C. En las líneas que presentaron cruzamientos exitosos cuantificamos la viabilidad pupal de los híbridos, que se estimó como la proporción de adultos emergidos en relación a la cantidad de pupas. Detectamos una varianza significativa entre híbridos, sugiriendo VG para este carácter en ambas temperaturas. Estos resultados muestran que la VG y los factores ambientales como la temperatura juegan un papel fundamental en el aislamiento reproductivo.

## GPE 8

### LOCI DE CARÁCTER CUANTITATIVO Y GENES CANDIDATOS PARA ACLIMATACIÓN AL CALOR EN *Drosophila melanogaster*

Almirón M., F.H. Gomez, P. Sambucetti, F.M. Norry. Departamento de Ecología, Genética y Evolución, e Instituto de Ecología Genética y Evolución de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA)-CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: fabian.norry@hotmail.com

La aclimatación al calor es el aumento en termotolerancia inducido por una exposición prolongada a temperatura elevada y puede mitigar los efectos del calentamiento global. Para estudiar la base genética de la aclimatación, utilizamos 65 líneas recombinantes endogámicas (RIL) de *Drosophila melanogaster*. Las moscas de 3-4 días de edad, tanto control (desarrolladas a 25° C) como aclimatadas (expuestas a un ciclo de alta temperatura desde huevo hasta adulto), fueron medidas para la resistencia al coma por calor (KD) a 37° C. La aclimatación fue estimada como la diferencia en KD entre moscas aclimatadas y de control. Un mapeo del intervalo compuesto reveló dos QTLs, uno en el cromosoma X (banda citológica 10) y otro en el cromosoma 2 (bandas 38-42). Se utilizaron datos de nivel de expresión de algunos genes candidatos dentro de cada QTL. La aclimatación fue correlacionada (\* $p < 0,05$ ; \*\* $p < 0,01$ ; \*\*\* $p < 0,005$ ) negativamente al nivel de expresión de los genes *Trap1* (correlación de rangos de Spearman:  $r_s = -0,86^{***}$ ), *Ddc* ( $r_s = -0,71^{**}$ ) y *Catsup* ( $r_s = -0,67^{**}$ ) en moscas control. En moscas aclimatadas, ésta fue correlacionada negativamente a *Trap1* ( $r_s = -0,81^{***}$ ), *Ddc* ( $r_s = -0,53^*$ ), *Catsup* ( $r_s = -0,76^{**}$ ) y *Hsp60* ( $r_s = -0,51^*$ ), y positivamente a *Hsc70-3* ( $r_s = 0,60^*$ ). Estos resultados sugieren que la capacidad para aclimatar se correlaciona con niveles de expresión de genes candidatos dentro de QTLs de termotolerancia.

## GPE 9

## HORMESIS EN LA LONGEVIDAD INDUCIDA POR CALOR EN LA MOSCA PLAGA *Drosophila suzukii* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE)

Scannapieco A.<sup>1</sup>, M. Liendo<sup>1</sup>, F. Norry<sup>2</sup>, S. Lanzavecchia<sup>1</sup>, P. Sambucetti<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética (INTA) IABIMO (CONICET), Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), UBA-CONICET, CABA Argentina. E-mail: pablosambucetti@ege.fcen.uba.ar

*Drosophila suzukii* es una especie plaga de frutas finas que genera importantes pérdidas económicas. La longevidad y plasticidad térmica han sido poco estudiadas en esta especie. Asimismo, no se ha explorado la presencia de hormesis sobre la longevidad (e.i. la extensión de la longevidad por bajas dosis de estrés) en poblaciones de este insecto. En este trabajo se estudió la longevidad a dos temperaturas constantes, 25° C y 30° C y la inducción de hormesis por frío y calor en una población de Concordia, Entre Ríos. La longevidad se midió en cohortes de 20 a 40 individuos en medio de cultivo estándar. La inducción de hormesis se realizó por aplicación de un tratamiento cíclico de estrés a la edad de 5, 9 y 16 d a 36° C durante 40 min para la inducción por calor, y de 60 min a 0° C durante 10 d para la inducción por frío. Los individuos fueron mantenidos a 25° C hasta su muerte a excepción del momento del tratamiento en ambos casos de inducción. La longevidad se vio reducida por la alta temperatura (30° C en comparación con 25° C constantes). El tratamiento cíclico de calor incrementó la longevidad en comparación a la medición a 25° C constante, no observándose diferencias entre esta temperatura y el tratamiento cíclico por frío. Los resultados muestran que la longevidad de *D. suzukii* es muy sensible a las altas temperaturas. Sin embargo, leves dosis de calor a edades tempranas pueden inducir hormesis sobre la longevidad en este insecto. Dada la relevancia adaptativa de estos caracteres, estos resultados contribuyen a la comprensión de la rápida expansión de *D. suzukii*.

## GPE 10

## EL GÉNERO *Globodera* (NEMATODA: HETERODERIDAE) EN EL NOROESTE DE ARGENTINA: IDENTIFICACIÓN DE POBLACIONES Y NUEVOS REGISTROS DE DISTRIBUCIÓN

Sosa M.C.<sup>1</sup>, J.C. Rondan Dueñas<sup>2</sup>, A.J. Andrade<sup>3</sup>, P. Lax<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA), CONICET-Universidad Nacional de Córdoba (UNC) y Centro de Zoología Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, UNC, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>CEPROCOR, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Biología de la Altura, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy, Argentina. E-mail: ceeci.sosa@gmail.com

*Globodera* comprende tres especies de nematodos formadores de quistes parásitos de la papa: *G. pallida* y *G. rostochiensis* que ocasionan pérdidas significativas en ese cultivo a nivel mundial y *G. ellingtonae* que, si bien por el momento no es considerada peligrosa, despierta interés por su estrecha relación filogenética y los escasos conocimientos sobre su biología. La detección e identificación de estos nematodos es fundamental para el control eficaz; sin embargo, existe poca información sobre su distribución e identidad taxonómica en nuestro país. El objetivo fue identificar poblaciones asociadas con papa andina, dos provenientes de la provincia de Salta (173, 212) y cuatro de Jujuy (169, 171, 216 y 218). El ADN se extrajo de quistes individuales; para la amplificación y secuenciación de las regiones espaciadoras internas de transcripción (ITS1 e ITS2) se utilizaron *primers* modificados para este estudio. Las secuencias obtenidas se compararon mediante BLAST (NCBI) con otras del género y las relaciones filogenéticas se analizaron con Inferencia Bayesiana (IB). Las poblaciones estudiadas mostraron porcentajes de identidad superiores al 99% con *G. ellingtonae* (169, 212, 173) y *G. rostochiensis* (171, 173, 216, 218). Los análisis de IB permitieron separar las tres especies que atacan papa en clados con elevados valores de *bootstrap* (100%). Los resultados amplían la distribución de *G. ellingtonae* y *G. rostochiensis* en el noroeste del país, en estrecha asociación con ese cultivo y demuestran, por primera vez, la coexistencia de ambas especies en un mismo lote.



## GPE 11

### MÁS ALLÁ DEL TAMAÑO DE LOS FRAGMENTOS: MICROSATÉLITES BASADOS EN SECUENCIAS PARA ESTUDIOS GENÉTICO-POBLACIONALES DE UNA ESPECIE FORESTAL NEOTROPICAL

Goncalves A.L.<sup>1</sup>, M.V. García<sup>2</sup>, M. Heuertz<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas, Universidad Nacional de Misiones (UNaM)-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Misiones, Argentina; <sup>3</sup>Biodiversité Gènes et Communautés (BIOGECO), INRAE, Univ. Bordeaux, Cestas, Francia. E-mail: alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

Los clásicos marcadores microsatélites (SSR) permiten analizar la acción de procesos microevolutivos y eventos demográficos que definen los patrones de variación genética poblacional a través del tiempo y del espacio. El polimorfismo detectado deriva de la variabilidad en la longitud de los *loci* SSR. Los amplicones del mismo tamaño para un locus pueden llevar a una subestimación de la diversidad genética poblacional debido a homoplasia. Esto puede ser salvado mediante marcadores microsatélites basados en secuencias (SSRseq) obtenidos por medio de secuenciación de nueva generación y baja cobertura. El reciente desarrollo de estos marcadores para *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (Leguminosae) permitió caracterizar la homoplasia en 33 *loci* mediante la codificación de los alelos por tamaño y por secuencia. Se caracterizó la diversidad genética y se contrastaron los resultados obtenidos considerando ambos conjuntos de datos. La homoplasia de tamaño detectada alcanzó una media de 40,27% para todos los *loci*. Se detectó un número significativamente mayor de alelos por locus y una elevada heterocigosis considerando polimorfismos de secuencia en comparación con el análisis basado en el tamaño de los amplicones. Así, el desarrollo de los SSRseq específicos de *A. colubrina* var. *cebil* aumenta la resolución de la genotipificación de los individuos de esta especie, potenciando el desarrollo de estudios genético-poblacionales con miras a la conservación y manejo sustentable de esta especie forestal neotropical.

## GPE 12

### DIVERSIDAD GENÉTICA COMO HERRAMIENTA PARA LA SELECCIÓN DE ÁREAS DE COLECTA DE SEMILLAS PARA RESTAURACIÓN FORESTAL

Paiva D.I.<sup>1</sup>, J. Machado<sup>1</sup>, L. Ferreira<sup>1</sup>, L. Zapparolli Perin<sup>1</sup>, L.M. Flescher Sojfer<sup>1</sup>, N. Magnanti<sup>2</sup>, T. Montagna<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais, Universidade Federal de Santa Catarina, Brasil; <sup>2</sup>Associação Vianeí de Cooperação e Intercâmbio no Trabalho, Educação, Cultura e Saúde, Santa Catarina, Brasil; <sup>3</sup>Faculdade de Agronomia, Universidade Federal de Santa Catarina, Brasil. E-mail: dani.paiva.forestal@gmail.com

La mata atlántica es un bioma de bosque subtropical, abarca Brasil, Paraguay y Argentina, y actualmente está entre los biomas más amenazados del globo. La reducción en los tamaños poblacionales de las especies, acarrea una reducción en la variabilidad genética y consecuente pérdida de capacidad adaptativa. La restauración de áreas degradadas es una acción clave siempre que prevea una base genética amplia de las nuevas poblaciones. Se evaluó la diversidad genética de poblaciones de ocho especies, *Araucaria angustifolia*, *Mimosa scabrella*, *Butia eriospatha*, *Ocotea catharinensis*, *O. odorifera*, *O. porosa*, *Podocarpus lambertii* y *Dicksonia sellowiana*, en dos municipios del estado de Santa Catarina (BR) a fin de indicar, en base a los datos genéticos, áreas y criterios de colecta de semillas. Se colectaron hojas de 50 individuos por población por especie, que fueron genotipificadas con marcadores isoenzimáticos en geles de penetroso 30 (13%). Se calcularon las frecuencias alélicas por población e índices de diversidad genética, como el índice de fijación ( $f$ ) y número de matrices a colectar ( $m$ ) para un tamaño efectivo ( $N_e=100$ ) constante en el tiempo. Los  $f$  fueron mayoritariamente positivos, altos y significativos, lo que repercutió en números altos de matrices a considerar para la colecta de semillas, que resultó en promedio entre 21 y 40 plantas por población. Las tareas de restauración forestal envuelven grandes esfuerzos, por lo tanto, hacerlo sin llevar en cuenta los riesgos de tener poblaciones genéticamente homogéneas, puede comprometer la perpetuidad de las nuevas poblaciones.



## GPE 13

## DISTRIBUCIÓN DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE CURUPAY (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) ENTRE REGIONES FITOGEográfICAS ARGENTINAS

Bruera C.R.<sup>1,2</sup>, M.V. García<sup>1,2,3</sup>, M.J. Pastorino<sup>2,4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas, Universidad Nacional de Misiones (UNaM) – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Misiones, Argentina; <sup>2</sup>CONICET, Argentina; <sup>3</sup>Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; <sup>4</sup>Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche, INTA –CONICET, Río Negro, Argentina. E-mail: camibruera@gmail.com

El curupay es la especie paradigmática de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales, que en Argentina ocupan las regiones fitogeográficas Yungas (Yu) y Paranaense (Pa). Además, se han identificado poblaciones de curupay en Chaco Húmedo (CH). Se analizó la variabilidad fenotípica entre y dentro de 28 poblaciones de las tres regiones fitogeográficas. Se midieron 13 caracteres foliares y siete reproductivos. Se estimaron medias y coeficientes de variación por carácter y se ajustó un modelo lineal factorial mixto para definir el análisis de varianza. Para 10 caracteres foliares, Pa presentó valores medios elevados, Yu bajos y CH intermedios, mientras que, para cuatro caracteres reproductivos, Yu presentó valores medios elevados, CH bajos y Pa intermedios. Entre regiones se detectaron diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) para nueve caracteres foliares y para uno reproductivo. Pa y CH mostraron medias similares para cuatro caracteres foliares, mientras que los caracteres restantes presentaron medias diferentes en cada región. En las tres regiones el área foliar fue el carácter más variable. En promedio, el factor Población explica el 13,3% de la variación de los caracteres foliares y el 27,1% de los reproductivos, en tanto que el factor Árbol explica el 42,4% de la variación de los caracteres foliares y el 41,0% de los reproductivos. Estos resultados fenotípicos son indicativos de posibles diferencias genéticas entre regiones, las cuales resultan de la variabilidad contenida en sus individuos e indican la necesidad de considerar diferentes procedencias en caso de planes de manejo y conservación.

## GPE 14

## EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE *Butia yatay* (Mart.) Becc. (ARECACEAE) EMPLEANDO ddRAD

Silva G.C.<sup>1</sup>, L. Soares<sup>2</sup>, G.M. Via Do Pico<sup>1</sup>, H. Balslev<sup>3</sup>, V.G. Solís Neffa<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), Universidad Nacional del Nordeste (UNNE) – CONICET, Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil; <sup>3</sup>Department of Biology–Ecoinformatics and Biodiversity Aarhus University, 8000 Aarhus C, Denmark; <sup>4</sup>Facultad de Ciencias Agrarias y Exactas y Naturales (FaCENA), UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: gisellacarolinasilva@gmail.com

En el nordeste argentino (NEA), el cambio en el uso/cobertura del suelo ha afectado o reemplazado los palmares de *Butia yatay*, palmera endémica del Dominio Chaqueño. A pesar de su valor biológico, paisajístico y cultural, hasta el momento, no se cuenta con información genético-poblacional de esta especie. En este contexto, se evaluó la diversidad y la estructura genética de *B. yatay* empleando la secuenciación de ADN asociado a sitios de restricción de doble digestión (ddRAD). A partir del análisis de 96 individuos de 18 poblaciones, se identificaron 9.253 SNPs. Los resultados sugieren que la reducción y fragmentación de los palmares, junto con factores demográficos, pudieron favorecer los efectos de la endogamia, ocasionando la disminución de la heterocigosis ( $HO = 0,03 \pm 0,002$ ;  $HE = 0,15 \pm 0,1$ ). Los análisis bayesianos y de coordenadas principales revelaron la existencia de tres grupos genéticamente diferenciados ( $K=3$ ) que constituyen unidades evolutivas independientes y cuya distribución espacial se corresponde con las lomadas arenosas del norte, centro y sur del área de estudio. Por lo tanto, los elementos del paisaje constituirían barreras que limitan el flujo génico entre las poblaciones, contribuyendo a la estructuración espacial de la variabilidad genética de *B. yatay*. Los resultados de este trabajo, constituyen el primer aporte al conocimiento de la diversidad y estructura genética de las poblaciones de *B. yatay* que contribuirán a orientar estrategias de conservación de los palmares de esta especie en el NEA.

## GPE 15

### NUEVA HIPÓTESIS FILOGEOGRÁFICA SOBRE LA DISTRIBUCIÓN DE LA VARIABILIDAD CLOROPLÁSTICA EN POBLACIONES NATURALES DE *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*

Semczuk R.B.<sup>1</sup>, M.V. García<sup>1,2</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Misiones, Argentina. E-mail: rociosemczuk@gmail.com

Los Bosques Secos Estacionales Neotropicales (BSEN) constituyen un bioma distribuido en fragmentos disyuntos o núcleos: Misiones (NE de Argentina), Pedemontano Subandino (NE de Argentina), Caatingas (NE de Brasil) y Chiquitanía (Bolivia y Paraguay). Estos bosques están sobre suelos fértiles en regiones de marcada estacionalidad en las precipitaciones siendo *A. colubrina* var. *cebil* su especie más paradigmática. El objetivo de este trabajo es datar la divergencia entre haplotipos cloroplásticos de *A. colubrina* var. *cebil* a los efectos de determinar la hipótesis más probable que explique su patrón de distribución genética y geográfica en el presente. Se analizaron los haplotipos identificados en 46 individuos mediante dos regiones no codificantes del ADN cloroplástico: intrón *trnL* y espaciador intergénico *trnL-trnF*. Las estimaciones del tiempo de divergencia se calibraron implementando el modelo *Fossilized Birth-Death* mediante el programa BEAST2, incorporando información paleobotánica externa. Se plantearon diferentes escenarios para testar el orden y el tiempo de divergencia empleando el método *Approximate Bayesian Computation*. Se identificaron nueve haplotipos y se dató la divergencia entre los núcleos Misiones y Pedemontano Subandino en el Oligoceno tardío mientras que entre haplotipos dentro de cada núcleo dató en el Mioceno. La hipótesis filogeográfica más probable indica divergencia pre-Pleistocénica entre los haplotipos de los núcleos Misiones y Pedemontano Subandino y una divergencia posterior de un linaje haplotípico del núcleo Pedemontano Subandino y la localidad de Paraná.

## GPE 16

### LOS MEDIO-HERMANOS SEAN UNIDOS: DISTRIBUCIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA ENTRE PROGENIES DE *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (LEGUMINOSAE)

Torres A.S.<sup>1</sup>, A.L. Goncalves<sup>1</sup>, M. Heuertz<sup>2</sup>, M.V. García<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones Posadas, Misiones, Argentina; <sup>2</sup>BIOGECO, INRAE, Univ. Bordeaux, Cestas, Francia; <sup>3</sup>Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas, Universidad Nacional de Misiones – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Misiones, Argentina. E-mail: andre.torres9606@gmail.com

En especies forestales, predominantemente de polinización abierta, las progenies de cada árbol madre incluyen, potencialmente, medio-hermanos y hermanos completos. El objetivo del presente trabajo fue analizar la distribución de la variabilidad genética entre y dentro de familias de medio-hermanos de *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* del Sur de Misiones. Se analizaron 448 progenies provenientes de 20 árboles madre empleando 33 *loci* microsatélites basados en secuencias (SSRseq). Se determinó la estructura genética poblacional mediante análisis Bayesiano, se evaluó la distribución de la variación genética entre y dentro de familias como así también entre y dentro de *clusters* mediante sendos análisis de varianza molecular, y se estimó el índice de fijación ( $F_{ST}$ ) global y de a pares. La distribución espacial de la variación genética resultó en la asignación de los individuos a dos *clusters* genéticos diferenciados como consecuencia de apareamiento por proximidad, en tanto que la elevada estructura genética ( $F_{ST} = 0,27$ ) sería resultado de estructura genética familiar estando el 15,3% de la variación contenido entre familias. Las familias S21, S22, S25, S28 y S58 serían representativas de la totalidad de la variación genética presente en el conjunto de familias analizadas, dada la elevada variación dentro de grupos de medio-hermanos y la baja diferenciación entre ellos. En tanto que, las familias S18, S47, S48, S51 y S55 presentaron una baja variación dentro de grupos de medio-hermanos y una elevada diferenciación entre ellos como resultado de una fuente restringida de polen.

## GPE 17

## ESTIMACIÓN INDIRECTA DEL SISTEMA DE FECUNDACIÓN EN UNA POBLACIÓN DE *Prosopis flexuosa* (LEGUMINOSAE) DEL DESIERTO DE ATACAMA (CHILE)

Chan C.<sup>1</sup>, C. Santoro<sup>2</sup>, R. Fortunato<sup>3</sup>, V. Mcrostie<sup>4</sup>, C. Bessega<sup>1,5</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución (EGE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN), Universidad de Buenos Aires (UBA), CABA, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Alta Investigación, Universidad de Tarapacá, Arica, Chile; <sup>3</sup>Instituto de Botánica Darwinion, CONICET/ANCEFYN, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Facultad de Ciencias Sociales, Escuela de Antropología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; <sup>5</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina. E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

En Atacama, las poblaciones de *Prosopis flexuosa* están restringidas a oasis aislados entre sí por grandes extensiones de paisaje árido y baja densidad poblacional. El sistema de fecundación depende del grado de conectividad entre las poblaciones e individuos, dado por la capacidad de dispersión de las plantas y las barreras impuestas por el paisaje. Con el objeto de evaluar el sistema de fecundación se coleccionó material de seis familias (adultos y progenie) en Quillagua, Atacama. Se analizaron parámetros del sistema de fecundación utilizando MLTR sobre la base de cuatro loci SSR. Las tasas de fecundación *multilocus* ( $tm = 0,967 \pm 0,028$ ) y de *locus* único ( $ts = 0,851 \pm 0,021$ ) señalan un 3,3% y 14,9% de autofecundación. La diferencia entre  $tm$  y  $ts$  ( $0,116 \pm 0,018$ ) indica baja ocurrencia de endogamia biparental aunque significativa. La correlación de las tasas de exogamia dentro de los grupos fraternos no resultó significativa ( $rt = -0,013 \pm 0,157$ ) sugiriendo que las tasas de fecundación cruzada no varían entre las plantas madres. La correlación de paternidad por exocruza a nivel global ( $rp = 0,262 \pm 0,034$ ) sugiere que cada planta madre sería fecundada por polen proveniente de 3,8 árboles. La proporción de hermanos completos en cada familia disminuye de 88% a 16% cuando se consideran semillas del mismo fruto o de diferentes vainas. Los parámetros del sistema de fecundación de *P. flexuosa* del desierto no difieren sustancialmente de los de *P. flexuosa* de Ñacuñán (Argentina) sugiriendo que la baja densidad poblacional y la fragmentación del ambiente no estarían influyendo en su capacidad de apareamiento.

## GPE 18

## RESULTADOS PRELIMINARES DE LOS ESTUDIOS FILOGEOGRÁFICOS EN *Aspidosperma quebracho-blanco* Schlttdl. (APOCYNACEAE)

Vía Do Pico G.M.<sup>1</sup>, N. Almirón<sup>2,1</sup>, E.M. Moreno<sup>2,1</sup>, A. Cosacov Martínez<sup>3</sup>, V. Solís Neffa<sup>2,1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), Universidad Nacional del Nordeste (UNNE)–Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (FACENA), UNNE, Corrientes, Argentina; <sup>3</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET–Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. E-mail: vsolneff@gmail.com

*Aspidosperma quebracho-blanco* es una especie forestal emblemática del Gran Chaco. Estudios previos empleando AFLP revelaron la existencia de tres grupos genéticos estructurados espacialmente. A fin de analizar los procesos genéticos e históricos que han contribuido a la diversificación de esta especie se inició el estudio de la variación del ADNcp. En este trabajo se presentan los resultados del análisis de la región no codificante psbA-trnH en 61 individuos de 26 poblaciones de Argentina. Se identificaron 21 sitios polimórficos; la diversidad haplotípica fue elevada ( $h = 0,72$ ), mientras que la nucleotídica fue baja ( $\pi = 0,01$ ). Los estadísticos demográficos ( $D = -0,24$  y  $F_s = -1,69$ ) fueron negativos y significativos. Se identificaron 13 haplotipos, diferenciados entre sí por 1-4 mutaciones, nueve exclusivos de ciertas poblaciones. Los resultados indican un exceso de mutaciones raras, con muchos haplotipos poco diferenciados entre sí, lo que sugiere un rápido crecimiento poblacional a partir de una población con  $N_e$  bajo y/o poco tiempo de separación entre poblaciones. A su vez, se observaron dos haplotipos muy frecuentes, de amplia distribución geográfica y con una posición central en la red, por lo que podrían considerarse haplotipos ancestrales. Los haplotipos se agruparon en tres grupos, uno exclusivo de las poblaciones de Córdoba, otro de una población de Corrientes y el tercero de las poblaciones del NEA. Sobre la base de los resultados obtenidos y en el marco del conocimiento actual de *A. quebracho-blanco* se proponen diferentes modelos para explicar dicha variación.

## GPE 19

### EVIDENCIAS DE SELECCIÓN Y DIFERENCIACIÓN MORFOLÓGICA EN *Acacia caven* (FABACEAE, CAESALPINODEAE)

Pometti C., C. Bessega, B. Saidman, J. Vilardi. Laboratorio de Genética, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Departamento de Ecología, Genética y Evolución (EGE) Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN), Universidad de Buenos Aires (UBA) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina. E-mail: cpometti@ege.fcen.uba.ar

*Acacia caven* (sinónimo *Vachellia caven*) es una de las especies más ampliamente distribuidas en América del Sur, con presencia en seis países, y seis variedades descritas en función de la morfología del fruto. Por ser una especie multipropósito es importante su inclusión en planes de manejo y reforestación, siendo relevante el estudio de su diversidad para rasgos cuantitativos de importancia económica y ecológica. El objetivo del presente trabajo fue estudiar la estructura genética a partir de la distribución de la variación para siete rasgos de hoja, espina y fruto en 11 poblaciones naturales (representando las seis variedades) a través del estadístico  $P_{ST}$ , y detectar señales de selección natural mediante el test  $P_{ST}-F_{ST}$ . La diversidad genética entre poblaciones estimada a partir de la variación de 224 loci AFLPs fue alta ( $F_{ST}=0,48$ ;  $p<0,01$ ). Para largo y ancho del fruto el valor de  $P_{ST}$  fue de 0,72, significativamente mayor que el  $F_{ST}$ , sugiriendo adaptación local por selección diversificadora. Para los restantes rasgos la diferencia entre los  $P_{ST}$  (0,16 – 0,42) y el  $F_{ST}$  no fue significativa. El uso de tamaño y forma del fruto como criterio para la diferenciación de variedades de *A. caven* parece estar justificado en función de la ocurrencia de selección diversificadora sobre estos rasgos según se observó en este trabajo.

## GPE 20

### ESTUDIOS GENÉTICOS POBLACIONALES EN EL COMPLEJO *Mimosa bifurca* Benth (FABACEAE /LEGUMINOSAE)

Gilszlak J.<sup>1</sup>, M.V. Inza<sup>2</sup>, F. Calderón<sup>3</sup>, M. Morales<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Escuela Superior de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Morón, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Recursos Biológicos CIRN-CNIA, INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. E-mail: jgilszlak@unimoron.edu.ar

*Mimosa bifurca* Benth se distribuye en el Sur de Sudamérica (Paraguay, Uruguay, Noreste de Argentina y Sur de Brasil). Esta especie forma un complejo taxonómico diploide con especies afines mostrando alta variación morfológica y evidencias de hibridación homoploide. Se caracteriza por la presencia de flores rosadas en amplios racimos y tallos inermes, y posee potencial ornamental. Con el fin de brindar herramientas para su conservación, se analizó la variabilidad genética de 124 individuos de 10 poblaciones de su distribución natural. Se utilizaron ocho marcadores SSR (*Single Sequence Repeat*), seis específicos para *M. bifurca* y dos transferidos de *M. tandilensis* y *M. ramulosa*. Los productos amplificados se visualizaron a partir de corridas electroforéticas en geles de poliacrilamida. Como resultados preliminares, se observó que *M. bifurca* y *M. sobralii* formaron grupos genéticos diferenciados; el resto de las especies y poblaciones del complejo presentaron mezclas de grupos genéticos, sugiriendo hibridación homoploide. La diversidad genética fue moderada con una heterocigosidad observada de 0,42, se observó endogamia en varias poblaciones y el flujo génico histórico estimado fue bajo ( $Nm=0,5$ ), sugiriendo procesos de deriva. Este trabajo constituye el primer estudio genético poblacional en *Mimosa bifurca*.



## GPE 21

## VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y GERMINACIÓN DE FRUTOS DE UNA POBLACIÓN DE MAPEO POR ASOCIACIÓN DE *Helianthus annuus* L.

Mendoza E.<sup>1</sup>, U. Gregorio<sup>2</sup>, M.V. Rodríguez<sup>3</sup>, A. Presotto<sup>1</sup>, F. Hernández<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Departamento de Agronomía, UNS - CONICET, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Departamento de Agronomía, UNS, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Investigaciones Fisiológicas y Ecológicas Vinculadas a la Agricultura (IFEVA), Facultad de Agronomía, UBA - CONICET, CABA, Argentina; <sup>4</sup>University of British Columbia, Canadá. E-mail: emendoza@cerzos-conicet.gob.ar

La dormición es un carácter indeseable en cultivos, que fue seleccionado negativamente durante la domesticación, sin embargo, en girasol, los frutos generalmente presentan dormición a cosecha, que puede durar semanas o meses, dependiendo del genotipo y el ambiente. Además, el tamaño de los frutos fue positivamente seleccionado durante la domesticación, aunque se desconoce la correlación entre dormición y tamaño de fruto en girasol. El objetivo de este trabajo fue evaluar la variación en dormición, tamaño y forma de los frutos en un panel de girasol aceitero. Para ello, se utilizó una población de mapeo por asociación de girasol compuesta por 158 líneas aceiteras de los dos principales grupos heteróticos (mantenedoras y restauradores). Las plantas fueron criadas en un jardín común y luego de la cosecha se evaluó la germinación a 20° C. Caracteres del fruto como área, perímetro y forma, fueron evaluados utilizando el *software* ImageJ. La germinación fluctuó entre 0 y 100%, el área del fruto varió entre 0,13 y 1,26 cm<sup>2</sup> y el perímetro entre 1,50 y 4,54 cm. Entre los grupos heteróticos, los frutos de las líneas mantenedoras fueron significativamente más circulares, con mayor perímetro y área que las restauradoras. No se encontraron correlaciones significativas entre la germinación y ninguno de los caracteres de tamaño y forma. Estos resultados confirman la gran variabilidad presente en esta población de mapeo, lo que permitirá asociar variaciones genéticas con rasgos como la dormición y avanzar en la comprensión de las bases moleculares de características de interés agronómico en girasol.

## GPE 22

## VARIABILIDAD Y ESTRUCTURACIÓN GENÉTICA DE *Arachis correntina* (Burkart) Krapov. & Gregory, PARIENTE SILVESTRE PERENNE DEL MANÍ

Moreno S.<sup>1,2</sup>, F. De Blas<sup>2,3</sup>, G. Seijo<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE, Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, UNC, Córdoba, Argentina. E-mail: jgseijo@yahoo.com

La comprensión de la diversidad genética de especies silvestres cercanas al maní es esencial para el desarrollo de estrategias de conservación, colección y mejoramiento. Aquí inferimos la variabilidad y estructuración genética existente en 14 poblaciones naturales de *Arachis correntina* (genoma A). Se genotificaron un total de 112 individuos de la provincia de Corrientes por 1.635 SNPs. Se calcularon estadísticos descriptivos y de estructuración genética, se determinó el ordenamiento de la variabilidad genética mediante un Análisis de Componentes Principales y su estructuración mediante métodos bayesianos. La variabilidad intrapoblacional fue mayor que la interpoblacional y los coeficientes de endogamia fueron bajos en todas las poblaciones. Los genotipos se agruparon en dos *clusters* principales y un tercero en el que la designación de individuos al grupo fue <0,7. Los *clusters* mostraron una estructuración tanto genética como geográfica. Los resultados evidenciaron un acervo genético poblacional propio de una especie alógama. El análisis geográfico de las variantes sugiere que la estructuración genética de las poblaciones habría estado determinada por la migración de los paleocauces del abanico aluvional del río Paraná formado durante el Cuaternario. Se evidencia por primera vez la extensa base genética existente en las poblaciones de especies silvestres de *Arachis*, a la alogamia como modo reproductivo importante y a la influencia de los eventos hidromorfológicos pasados sobre el modelado del acervo génico de estas poblaciones.

## GPE 23

### AUTOINCOMPATIBILIDAD GENÉTICA EN DOS ESPECIES BRASICÉAS DE LA ARGENTINA

Tilleria S.G.<sup>1,2</sup>, A. Luzuriaga<sup>1</sup>, C.E. Pandolfo<sup>1</sup>, A.D. Presotto<sup>1,2</sup>, M.S. Ureta<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), CONICET-UNS, Buenos Aires, Argentina. E-mail: tilleria.sofia@gmail.com

Las brasicáceas, una importante familia vegetal, incluyen especies que son malezas en los principales cultivos. Dentro de esta familia, numerosas especies presentan autoincompatibilidad, incapacidad de producir semillas por autofecundación. Las poblaciones silvestres que crecen dentro de los cultivos (agrestales) suelen adquirir caracteres domesticados, que les permiten aumentar su invasividad, diferenciándose de las poblaciones que crecen fuera de lotes cultivados (ruderales). El objetivo de este trabajo fue comparar el grado de autocompatibilidad presente en poblaciones *Brassica rapa* (BR) y *Raphanus sativus* (RS) halladas en ambientes ruderales y agrestales. Se criaron en jardín común 10 poblaciones de RS y BR colectadas en ambientes agrestales (AG) y ruderales (RU), junto con el cultivo *B. napus* (BN). Se taparon N:5-10 plantas con malla antiáfido previo al momento de floración, dejando individuos sin cubrir a modo de control junto con el cultivo. Se determinaron el número y tamaño de silicuas, el número de semillas por silicua y el P1000. Los biotipos de BR y RS bajo tratamiento desarrollaron menor número y tamaño de silicuas y número de semillas por silicua. Sólo una población de BR se comportó diferente mostrando un P1000 mayor bajo tratamiento: 1,81 g vs. control: 1,46 g. Esto podría deberse a que el aislamiento de las silicuas promovió la redistribución de los recursos a unas pocas semillas. No hubo diferencias significativas entre biotipos RU y AG en ambas especies, la autoincompatibilidad de *B. rapa* y *R. sativus* no ha sido modificada en los ambientes agrestales.

## GPE 24

### ANÁLISIS PRELIMINAR DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Stylosanthes hippocampoides* (FABACEAE) POSTERIOR A INCENDIOS ACAECIDOS EN CORRIENTES

Arcangeli J.B., G.I. Lavia, M.C. Silvestri. Instituto de Botánica del Nordeste, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste - CONICET, Corrientes, Argentina. E-mail: julietabarc@gmail.com

*Stylosanthes hippocampoides* Mohlenbr. (Fabaceae) tiene importancia como especie forrajera nativa en el Nordeste Argentino. Durante los años 2020 a 2022 en la provincia de Corrientes han ocurrido incendios recurrentes, los cuales se extendieron sobre parte de la distribución de la especie. Con el objetivo de evaluar la variabilidad genética de poblaciones de *S. hippocampoides* posterior a los incendios, se seleccionó una población localizada en un sitio donde ocurrieron incendios (ASI), y otra proveniente de la Reserva Natural Privada Paraje Tres Cerros (TC), la cual no fue afectada por los mismos. Se constató la geolocalización de estas poblaciones con los focos de incendios de las imágenes satelitales de la base FIRMS, se coleccionó germoplasma de 11 (ASI) y 10 (TC) individuos, y se evaluó la variabilidad genética intra e inter poblacional utilizando ocho marcadores moleculares ISSR. El AMOVA mostró que la variación fue mayor entre las poblaciones (52%) que dentro de ellas (48%). Los análisis de estructuración PCoA y STRUCTURE separaron a las dos poblaciones. Los parámetros de diversidad evaluados indicaron que la población ASI (Heterocigosis esperada -He-: 0,13; Porcentaje de Loci Polimórficos -PLP-: 40,57%; Índice de Shannon -I-: 0,19) presentó menor variabilidad genética que TC (He: 0,15; PLP: 48,11%; I: 0,24). Los índices de diversidad obtenidos fueron similares a los encontrados en evaluaciones previas del 2016. Estos resultados se consideran preliminares hasta completar los análisis comparativos entre las evaluaciones 2016 vs. 2022 de cada población.



## GPE 25

## NÚMERO CROMOSÓMICO Y FERTILIDAD DE *Paspalum pauciciliatum* Y *P.* *umbrosum*, ESPECIES NATIVAS FORRAJERAS DE MISIONES

Juncos J.A., J.S. Schneider, L.M. Escobar, J.R. Daviña, A.I. Honfi. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), UNaM, Misiones, Argentina. E-mail: adrianjuncos.cs@gmail.com

*Paspalum pauciciliatum* y *P. umbrosum* son dos especies que presentan interés forrajero en el nordeste de Argentina. Ambas habitan en Misiones donde forman parte de pastizales y bordes de selva y caminos. Únicamente se conocen diploides en *P. umbrosum* ( $2n=20$ ) y alotetraploides en *P. pauciciliatum* ( $2n=40$ ), pero en ambas se desconoce el grado de fertilidad del polen y de semillas. El objetivo de este trabajo fue analizar el número cromosómico, la fertilidad del polen y de semillas en seis accesiones de Misiones, Argentina. Los ejemplares de herbario están depositados en el herbario MNES. Los cromosomas se contaron en meristemas de raíces pretratados con 1-bromonaftaleno y coloreados con reactivo de Schiff y por citometría de flujo. La viabilidad del polen se analizó en 1.000 granos/planta coloreados con carmín glicerina al 2%. Se estimó la producción de semillas en autopolinización y polinización abierta en tres inflorescencias/planta. Todas las accesiones presentaron el número cromosómico esperado para cada especie. La viabilidad del polen de *P. pauciciliatum* fue  $91,92\% \pm 0,74$  y, la de *P. umbrosum*,  $92,1\% \pm 1,6$ , con diferencias significativas en el diámetro del polen entre las dos especies. La fertilidad promedio de *P. pauciciliatum* en autopolinización fue  $71,26\% \pm 3,73$  y en polinización abierta  $69,93\% \pm 1,32$ . Para *P. umbrosum* la fertilidad promedio en autopolinización fue de  $66,19\% \pm 8,98$  y en polinización abierta  $70,2\% \pm 9,91$ . Los resultados indican que todas las accesiones de ambas especies son autocompatibles y altamente autofértiles.