

LOCUS DE CARÁCTER CUANTITATIVO PARA RESISTENCIA A LA DESECACIÓN EN *Drosophila melanogaster*

Gomez FH, P Sambucetti, FM Norry. Departamento de Ecología, Genética y Evolución e IEGE-BA-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.
e-mail: fnorry@ege.fcen.uba.ar

La sobrevivencia en condiciones de muy baja humedad relativa es un complejo carácter que presenta un patrón adaptativo de variabilidad genética en poblaciones y especies de *Drosophila*. El objetivo del presente trabajo fue identificar los QTL (Quantitative Trait Loci) para la resistencia a la desecación en 54 líneas RIL (Recombinant Inbred Lines) de *Drosophila melanogaster* originadas a partir de un cruzamiento entre poblaciones de diferentes continentes. Se cuantificó el tiempo de sobrevivencia (TS) de 40 moscas de cada RIL en tubos secos en condiciones de humedad relativa inferior al 10 %. Para el mapeo de QTL se analizaron los tres cromosomas mayores de la especie. El carácter estudiado (TS) mostró un dimorfismo sexual marcado ($P < 0.01$) en un sub-conjunto de las líneas RIL. Un mapeo del intervalo compuesto reveló un QTL de gran efecto en los machos solamente, que mapea entre las bandas 5 y 20 del cromosoma X. Este QTL incluye más de 40 genes candidatos de los cuales un estudio previo mostró que cambian sus niveles de expresión como una respuesta a la selección artificial sobre la resistencia a la desecación. El presente trabajo indica que la base genética de la resistencia a la desecación puede diferir parcialmente entre los sexos, y revela un QTL de gran impacto en los machos del insecto modelo estudiado.

ÉXITO DE APAREAMIENTO ENTRE LÍNEAS DE ALTA Y BAJA RESISTENCIA AL CALOR DE *Drosophila melanogaster*

Stazione L, FM Norry, P Sambucetti. Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, IEGEBA (CONICET-UBA).
e-mail: pablosambucetti@ege.fcen.uba.ar

La temperatura afecta fuertemente el nivel actividad de los organismos en la naturaleza, en especial en ectotermos. Los genes o sistemas de respuesta al estrés también pueden tener efectos directos sobre otros caracteres relacionados al fitness, como es el éxito de apareamiento. El objetivo de este trabajo fue explorar el efecto de un QTL (Quantitative Trait Loci) de resistencia al calor sobre el éxito de apareamiento en baja y moderada temperatura en *Drosophila melanogaster*. Se utilizaron 2 líneas homocigóticas para un marcador microsatélite que mapea sobre un QTL para la resistencia al calor en el cromosoma X (bandas 10A1-A2). Cada línea es homocigota para alelos con efectos opuestos sobre la resistencia al calor para el QTL mencionado. Se midió el éxito de apareamiento a 25 y 33°C (con y sin pre-tratamiento de calor) en cajas con 20 machos y 20 hembras de cada línea. Las parejas en cópula fueron colectadas y posteriormente identificadas. No se observaron diferencias significativas en el éxito de apareamiento en alta temperatura (33°C) entre moscas de las líneas de alta y baja resistencia al calor. Al aplicar un pre-tratamiento de calor tampoco se detectaron diferencias significativas entre las líneas en su éxito de apareamiento. Sin embargo, a 25°C los machos de la línea de alta resistencia al calor fueron más exitosos en su apareamiento en comparación a la de baja resistencia. Estos resultados muestran la existencia de diferencias en el éxito de apareamiento entre las líneas a moderada temperatura y la presencia de una interacción genotipo x ambiente para este carácter.

VARIACIÓN DE CUATRO SNPS DEL GEN OPRM1 EN LA POBLACIÓN DE RESISTENCIA (CHACO)

Raggio MC, LA Glesmann, CI Catanesi. Lab. de Genética Molecular IMBICE. CC403 (1900) La Plata.
e-mail: ccatanesi@imbice.gov.ar

El sistema opioide cumple un importante rol en la señalización del dolor. El receptor μ , objetivo primario de la morfina, es el de mayor interés biomédico. El gen que lo codifica, OPRM1, presenta numerosos polimorfismos de tipo SNP. En la ciudad de Resistencia conviven actualmente poblaciones de distinto origen étnico, incluyendo grupos nativos chaqueños, criollos y descendientes de europeos. Las poblaciones de distinta procedencia étnico-geográfica pueden portar diferentes variantes en genes que influyen en características fenotípicas complejas. Con el objetivo de describir la variación actual de OPRM1 en la población de esa ciudad, se tipificaron 4 SNP: rs1799971 (A/G), rs1799972 (C/T), rs540825 (T/A) y rs562859 (C/T) mediante PCR-RFLP en muestras de ADN de 85 individuos procedentes de Resistencia. Se estimaron frecuencias alélicas y genotípicas, Equilibrio de Hardy-Weinberg (EHW) diversidad génica y desequilibrio de ligamiento (LD), utilizando Arlequin 3.5. Los 4 marcadores se ajustaron al EHW, la diversidad génica media fue de 0,263 y se estimó la presencia de 8 haplotipos. Salvo rs1799972, los restantes marcadores presentaron valores de LD significativos entre ellos. En la comparación con datos publicados para la población de la ciudad de Corrientes, el F_{st} obtenido no fue significativo ($p > 0,05$). Si bien los resultados obtenidos serán confirmados mediante el análisis de un mayor número de individuos, las similitudes halladas con los datos de Corrientes pueden deberse a la proximidad geográfica y al elevado flujo migratorio entre ambas capitales del noreste argentino.

HAPLOTIPOS MITOCONDRIALES EN *Cebus nigratus* Y *Cebus libidinosus* BASADOS EN EL ANÁLISIS DEL D-LOOP

Hassel DL^{1,2}, MD Mudry¹, CF Argüelles^{1,2}, M Nieves¹. ¹Grupo de Investigación en Biología Evolutiva, Dpto. EGE, IEGEBA, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (Universidad de Buenos Aires, Argentina), ²Grupo de Investigaciones en Genética Aplicada, IBS, Nodo Posadas, (UNaM-CONICET).
e-mail: hasseld@ege.fcen.uba.ar

C. nigratus (CNI) y *C. libidinosus* (CLI) conforman el extremo austral de distribución geográfica del género de primates. *C. nigratus*, catalogada por la IUCN como especie NT (Near Threatened) está presente en gran parte de la provincia de Misiones, en el mayor remanente de Selva Atlántica Interior. En estudios poblacionales y de conservación, un marcador genético muy utilizado por su gran variabilidad es el D-loop mitocondrial. La detección de haplotipos mitocondriales específicos permite determinar la existencia de subestructuración genética en el área de distribución de una especie. Con este objetivo, mediante la utilización de primers universales (L15926 y H00651), se amplificó y secuenció una región de ~600 pb del D-loop en 10 ejemplares: 5 CNI y 5 CLI. Se escogieron las secuencias de 2 CNI y se diseñaron primers específicos: LD_CNI555 y HD_CNI555, que fueron ensayados en 2 ejemplares, 1 CNI y 1 CLI obteniéndose un amplicón de ~450 pb. Las secuencias obtenidas mostraron una identidad del 93% para CNI y del 94% para CLI en comparación con la región correspondiente en el genoma mitocondrial de *C. apella* depositada en Gen Bank (>gb|JN380205.1|), representando en ambos casos haplotipos únicos para los dos ejemplares analizados con la ocurrencia de una transición C>T entre CNI y CLI. El estudio de esta región en individuos silvestres de CNI en distintas áreas protegidas de Misiones, contribuirá como conocimiento de base para evaluar el estatus de conservación asignado a esta especie y en el desarrollo de conectores entre las distintas áreas protegidas de la provincia.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DEL CARPINCHO, *Hydrochoerus hydrochaeris*

Byrne MS¹, MH Cassini², RD Quintana³, ML Bolkovic⁴, JI Túnez⁵.

¹GEMA, Departamento de Ciencias Básicas, UNLu-CIC. ²Laboratorio de Biología del Comportamiento, IBYME-CONICET. ³UNSAM-FCEyN, UBA-CONICET. ⁴Dirección de Fauna Silvestre, SAyDS. ⁵GEMA, Departamento de Ciencias Básicas, UNLu-CONICET. e-mail: soledadbyrne@hotmail.com

La estructura genética del carpincho en parte su distribución geográfica fue analizada utilizando haplotipos de la región control del ADN mitocondrial en 5 poblaciones de Argentina: Mercedes (Corrientes, n = 9), El Socorro (Corrientes, n = 5), San Javier (Santa Fe, n = 5), PN El Palmar (Entre Ríos, n = 4) y Bajo Delta (Buenos Aires, n = 5). Estos haplotipos junto con los disponibles en el GenBank para poblaciones de Paraguay (n = 110) y Venezuela (n = 153) fueron analizados a fin de establecer la posible existencia de unidades genéticamente distinguibles. En total se identificaron 21 haplotipos de 157 pb, 9 de Argentina, 8 de Paraguay, uno de los cuales fue compartido con Argentina, y 5 de Venezuela. La estructura genética poblacional fue analizada mediante un AMOVA. Los resultados sugieren que: (1) Venezuela es una población genéticamente diferente de las demás y podría considerarse como una Unidad Evolutivamente Significativa independiente, (2) Paraguay presentó cierto grado de diferenciación genética respecto a las poblaciones Argentinas, por lo que podría considerarse como una Unidad de Conservación distinta, (3) las poblaciones de Argentina presentaron una moderada estructuración genética, que se debería a la distancia geográfica que las separa teniendo en cuenta las principales vías de dispersión a través de los Ríos Paraná y Uruguay. Futuros trabajos que incluyan un mayor número de muestras y el uso de otros marcadores, ayudarán a determinar con mayor precisión la estructura genética, las vías de dispersión y el estado de conservación de las poblaciones argentinas.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES SILVESTRES DE JABALÍ DE ARGENTINA

Figuerola CE¹, MI Sagua¹, GP Fernández¹, BN Carpinetti², ML Merino^{1,3}.

¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, ²Universidad Nacional Arturo Jauretche, ³CICPBA. e-mail: figuerola_gnr@hotmail.com

El jabalí (*Sus scrofa scrofa*) (Suidae – Artiodactyla), representa el origen genético de los cerdos domésticos actuales y es una de las especies de mamíferos ligada al hombre desde tiempos prehistóricos, constituyendo un importante recurso económico y cinegético. En la Argentina, se introdujo a principios del siglo XX en la provincia de La Pampa, desde donde se dispersó hacia el Norte invadiendo San Luis, Córdoba y Santa Fe, y hacia el Sur llegando hasta Río Negro y Buenos Aires, posiblemente también ingresó desde Uruguay a partir de 1920. Actualmente en nuestro país existen escasos trabajos de investigación sobre el análisis de variabilidad genética del jabalí. El objetivo de este trabajo es el de caracterizar dicha variabilidad en las diferentes poblaciones muestreadas, estudiar la dinámica poblacional entre ellas y estimar su dispersión a partir de los centros originales de introducción mediante el uso de técnicas moleculares. Con este fin se utilizará como marcador genético a la región control (RC) del ADN mitocondrial. El ADN fue extraído para 70 muestras representativas de las poblaciones silvestres de jabalí de Argentina, para las cuales será amplificado, purificado y secuenciado un segmento de ~1050pb de la RC. A partir de las secuencias obtenidas (y la utilización de softwares específicos) será caracterizada la variabilidad genética, las relaciones haplotípicas, y las reconstrucciones filogenéticas entre los diferentes grupos analizados. La interpretación de estos resultados nos permitirá comprender la dinámica de expansión de esta especie en nuestro país.

ESTUDIO DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE VICUÑAS BAJO DISTINTOS SISTEMAS DE MANEJO

Anello M¹, MS Daverio¹, SR Romero², F Rigalt³, L Vidal Rioja¹, F Di Rocco¹. ¹Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-CICPBA La Plata, Buenos Aires, ²EEA Abra Pampa, INTA-Jujuy, ³EEA, INTA Catamarca.
e-mail: fdirocco@imbice.gov.ar

La vicuña (*Vicuña vicugna*) estuvo al borde de la extinción hacia fines de los 60. Afortunadamente, el dictado de leyes para su protección permitió su recuperación numérica. Actualmente existen dos sistemas de manejo para el aprovechamiento de su fibra: en silvestría y en semicautiverio. Aunque económicamente pueden ser viables, el impacto genético y ecológico de la utilización de la especie debe ser controlado para asegurar un uso sustentable de este recurso. En este trabajo se analizó la diversidad genética de 5 poblaciones de vicuñas de las provincias de Catamarca y Jujuy bajo ambos sistemas de manejo. En 135 muestras totales se amplificaron 10 marcadores STR y se emplearon los programas Arlequín y Fstat para evaluar los parámetros de diversidad genética. En general, se encontró alta diversidad genética en todas las poblaciones. Las heterocigosidades medias observadas y esperadas fueron mayores a 0,6 en todos los casos mientras que el número medio de alelos (K) fluctuó entre 6,1 y 6,5. A pesar de tener el mayor tamaño muestral, la población en semicautiverio mostró el menor valor de K. Los valores del coeficiente de endogamia (FIS) no mostraron una consanguinidad significativa en las poblaciones estudiadas. El índice de fijación (FST) evidenció diferenciación genética significativa entre las poblaciones, con una correlación entre la distancia genética y la geográfica. También se calculó el índice de Garza-Williamson, obteniéndose valores menores a 0,4 en todas las poblaciones. Esto refleja la drástica reducción poblacional que sufrió esta especie en el pasado.

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LOS SEGMENTOS DE EXPANSIÓN D2-D3 EN *Nacobbus aberrans sensu lato*

Lax¹ P, JC Rondan Dueñas², CN Gardenal³, ME Doucet¹. ¹IDEA (CONICET-UNC) y Centro de Zoología Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, ²CEPROCOR, Córdoba, ³IDEA (CONICET-UNC) y Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba.
e-mail: jrondan@efn.uncor.edu

Nacobbus aberrans es un nematodo fitófago que posee importancia cuarentenaria por los daños que ocasiona a la agricultura. Actualmente, su situación taxonómica es poco clara y se considera la existencia de un complejo de especies dentro de *N. aberrans sensu lato*. Los segmentos de expansión D2-D3 del gen 28S del ADN ribosomal han mostrado ser útiles para separar especies de distintos géneros de nematodos fitófagos. Por el momento, no existen secuencias de *N. aberrans* publicadas en el GenBank. El objetivo de este trabajo fue analizar las relaciones filogenéticas en 10 poblaciones argentinas provenientes de distinto origen geográfico y asociadas a diferentes hospedadores, en base a secuencias de este marcador molecular. A partir de ADN extraído de juveniles del nematodo, se amplificó y secuenció un fragmento de 754 pb. Análisis filogenéticos con Neighbour Joining y Maximum Likelihood permitieron diferenciar tres grupos, con altos valores de soporte estadístico: I) poblaciones extraídas de: pimiento (Catamarca), remolacha (Santa Fe), papa (Catamarca) y tomate (Córdoba, Buenos Aires, Mendoza y Tucumán); II) una población de Córdoba (quinua) y Tucumán (papa); III) una población de Jujuy, parásita de papa andina. El agrupamiento no mostró relación con respecto al hospedador y los grupos coincidieron con resultados obtenidos para los patrones de RFLP de la región ITS, considerando las mismas poblaciones. Se pone en evidencia la utilidad del gen 28S para diferenciar poblaciones de este nematodo.

ESTRUCTURA GENÉTICA Y REINFESTACIÓN POR *Triatoma infestans* EN EL GRAN CHACO ARGENTINO

Piccinali RV^{1,2}, RE Gürtler^{1,2}. ¹Laboratorio de Eco-Epidemiología. Dpto EGE. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Argentina, ²IEGEB. CONICET.
e-mail: rpicci@ege.fcen.uba.ar

Pese a los importantes avances de la Iniciativa del Cono Sur, el Gran Chaco es una región que continúa con una importante transmisión vectorial de *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico de la enfermedad de Chagas, debido, entre otros factores, a una gran infestación domiciliar por *Triatoma infestans*, principal vector del parásito en esta área. Este trabajo se propone indagar en la dinámica de reinfestación de las casas por *T. infestans* analizando la estructura genética de este insecto y el origen de individuos reinfestantes en parajes rurales aledaños a la localidad de Pampa del Indio, Chaco, los cuales fueron rociados con insecticidas entre 2007-2009 y siguen actualmente bajo vigilancia entomológica. Para ello, se genotiparon para 10 loci microsatélites insectos colectados en 5 sitios peridomésticos en el paraje rural Campo Los Toros antes (N=99) y después (N=11) de un rociado masivo con insecticidas. Luego se realizaron análisis bayesianos para determinar la estructura genética pre-rociado y el origen de los individuos de post-rociado. Se detectaron dos o tres grupos genéticos en los insectos de pre-rociado, con grados variables de mezcla (admixture) en los individuos de cada sitio. Todos los insectos de post-rociado fueron asignados a su sitio de captura, con excepción de una ninfa, que resultó un migrante de primera generación. Estos resultados muestran la existencia de estructura genética pre-rociado en las poblaciones de *T. infestans*, y que la mayor parte de los individuos de post-rociado provendría de focos residuales que sobrevivieron al rociado con insecticidas.

EVOLUCIÓN DE LOS INDICADORES DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN UNA POBLACIÓN DE *Euterpe edulis* MARTIUS

Montagna T^{1,2}, JZ Silva^{1,2}, MS Reis^{1,2}. ¹Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais/Universidade Federal de Santa Catarina, ²Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina.
e-mail: gunnermontagna@gmail.com

Euterpe edulis (Arecaceae) es una especie nativa de la Mata Atlântica, que ocurre en Argentina y Brasil. Fue la principal palmera productora del palmito en la región Sur del Brasil, y hoy es creciente la utilización de sus frutos para la producción del açaí (pulpa). El conocimiento de la diversidad genética, bien como su evolución a lo largo del tiempo, juega un rol importante en la delineación de estrategias de conservación para *E. edulis*. El objetivo de este estudio fue evaluar cómo se comportan los indicadores de diversidad genética en una población de *E. edulis* durante 13 años. Para el estudio se muestrearon 950 matrices de *E. edulis*, a través de 24 parcelas permanentes (40 m x 40 m) en un fragmento ubicado en la Floresta Nacional de Ibirama, Estado de Santa Catarina. Fueron revelados 13 locus isoenzimáticos. En 1997, cuando empezaron los estudios, la muestra contenía 472 matrices, que presentaron 30 alelos, $\hat{H}_e = 0,262$, $\hat{H}_o = 0,236$ y $f = 0,098$ ($p < 0,01$). En 2010, último año de evaluación, el número de matrices había aumentado para 950 y este conjunto presentó 33 alelos, $\hat{H}_e = 0,252$, $\hat{H}_o = 0,236$ y $f = 0,064$ ($p < 0,01$). El f de 1997 es significativamente distinto del f de 2010 ($p < 0,01$) lo que señala una reducción de 35% en el f en 13 años, indicando que la población puede alcanzar el equilibrio de Hardy-Weinberg con el paso del tiempo. Es importante decir que el fragmento fue explotado por la última vez en la década de 1950 lo que sugiere que *E. edulis* posee una gran capacidad de restablecer el equilibrio, a partir de su propia regeneración natural, a lo largo de los años.

ANÁLISIS DEL GEN ADH Y REGIÓN ITS PARA LA IDENTIFICACIÓN TAXONÓMICA DE UNA POBLACIÓN DE *Nothofagus*

Azpilicueta MM¹, V El Mujtar¹, P Marchelli^{1,2}, LA Gallo¹. ¹INTA EEA Bariloche, ²CONICET Argentina.
e-mail: mmazpilicueta@bariloche.inta.gov.ar

Los robles más septentrionales de la Argentina del género *Nothofagus* en Lagunas de Epulauquen (Neuquén) son considerados una población de *Nothofagus obliqua*. Sin embargo, características diferenciales en caracteres foliares, seminales, arquitecturales y moleculares respecto a otras poblaciones argentinas de la especie, han planteado dudas sobre su estatus taxonómico. Con el objetivo de avanzar en su identificación analizamos la secuencia de dos regiones del genoma. La región del gen ADH (alcohol deshidrogenasa) se seleccionó por su poder de discriminación entre especies del género y la región ITS (secuencia del espaciador interno transcrito) por su extendida utilización en estudios filogenéticos. Se analizaron individuos de Lagunas de Epulauquen junto a individuos correspondientes a los taxones emparentados *Nothofagus glauca*, *Nothofagus nervosa*, *Nothofagus leoni* y *Nothofagus macrocarpa* e individuos de *N. obliqua* de otras poblaciones chilenas y argentinas. Las variantes nucleotídicas encontradas en Lagunas de Epulauquen para ADH corresponden a las halladas en *N. obliqua*, lo que descarta la hipótesis de hibridación con *N. nervosa* formulada en estudios previos en base a isoenzimas. El análisis de la región ITS sugiere que Lagunas de Epulauquen correspondería a *N. obliqua*. El alto grado de aislamiento geográfico y un posible origen glaciario en el norte de Chile habrían impartido características diferenciales, potencialmente adaptativas, a esta población. Los resultados confirmarían su inclusión en los programas de conservación y mejoramiento de la especie en nuestro país.

DIVERSIDAD FENOTÍPICA Y DETERMINACIÓN DEL GRADO DE ENDOCRÍA EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY

Mazo TM¹, ME Barranteguy^{1,2,3}, MV García^{1,2,3}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética. FCEQyN. UNaM, ²Instituto de Biología Subtropical (UNaM – CONICET), ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
e-mail: tam_maggi@hotmail.com

La diversidad genética se cuantifica mediante la variabilidad genética dentro de poblaciones y se caracteriza tanto a partir de estados alélicos discretos como a partir de caracteres poligénicos. La endocría, junto a la depresión por endocría, son procesos importantes en biología y en conservación de poblaciones naturales. El curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa de Sudamérica. Se estudiaron individuos de cuatro poblaciones ubicadas en dos provincias biogeográficas: Yungas y Paranaense. Se estimaron los niveles de diversidad genética y el grado de endocría mediante la determinación de la relación entre la reducción de la heterocigosis en *loci* neutrales y la reducción de heterocigosis en caracteres poligénicos. Se analizaron ocho caracteres poligénicos y ocho *loci* SSRnu. Se estimó la heterocigosidad observada (H_o) y la esperada (H_e). Se realizó un ANOVA de una vía para analizar la variación fenotípica y un AMOVA para particionar la variación genética neutral. El efecto de la endocría en caracteres poligénicos se infirió desde *loci* neutrales basándose en la ecuación $M_{ok} = M_p - IDF_{ITk} + k$, la cual se usó como modelo de regresión lineal para estimar la depresión por endocría (ID) y la media esperada del carácter cuantitativo (M_p). Los caracteres reproductivos presentaron valores medios estadísticamente significativos en todas las poblaciones. Se detectó un déficit de homocigotas estando la variación neutral mayormente contenida dentro de poblaciones (88,94%). Ninguno de los caracteres poligénicos presentó depresión por endocría.

ESTIMAS DE FLUJO GÉNICO MEDIADO POR POLEN Y POR SEMILLAS EN *Anadenanthera colubrina* VAR. *cebil*

Barrandeguy ME^{1,2,3}, R Rivera Pomar^{3,4}, MV García^{1,2,3}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética, FCEQyN - UNaM, ²Instituto de Biología Subtropical (UNaM – CONICET), ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, ⁴Laboratorio de Genética y Genómica Funcional, Centro Regional de Estudios Genómicos, UNLP.
e-mail: ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

Flujo génico es un término que incluye todos los mecanismos resultantes en el movimiento de genes entre poblaciones, ocurriendo en especies vegetales mediante el movimiento del polen y de las semillas. *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (curupay) es una leguminosa nativa de Sudamérica presentando, en Argentina, una distribución discontinua restringida a las provincias fitogeográficas Paranaense y Yungas. Se estudiaron 69 individuos del Norte argentino provenientes de ocho sitios de muestreo empleando ocho microsátelites nucleares y cuatro microsátelites cloroplásticos. Se estimó el flujo génico de manera indirecta y la proporción flujo génico por polen/flujo génico por semillas bajo el modelo de islas empleando la ecuación de Ennos (1994) y bajo el modelo de aislamiento por distancia empleando una prueba de paralelismo entre regresiones lineales de las distancias geográficas para todos los pares de subpoblaciones en relación a la similitud genética entre ellas obtenidas mediante ambos marcadores. El flujo génico histórico mediado por polen y por semillas contrarrestó los efectos de la deriva genética ($N_e m_b = 2$) mientras que el flujo génico histórico mediado únicamente por semillas no lo contrarrestó ($N_e m_m = 0,027$). El flujo génico mediado por polen superó en 144 veces al flujo génico mediado por semillas. La prueba de paralelismo entre regresiones lineales arrojó un valor de $T=13,35$ el cual resultó estadísticamente significativo y confirma el menor flujo génico mediado por semillas en relación al flujo génico total.

SIGNOS DE ADAPTACIÓN A NIVEL MOLECULAR: PRUEBAS DE NEUTRALIDAD DE SSRNU EN POBLACIONES DE CURUPAY

García MV^{1,2,3}, ME Barrandeguy^{1,2,3}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética. FCEQyN. UNaM, ²Instituto de Biología Subtropical (UNaM – CONICET), ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
e-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

La diferenciación genética entre poblaciones analizada por SSR es, casi exclusivamente, explicada por deriva genética mientras que el rol potencial de la selección es, en general, ignorado. Diversos estudios han incrementado la evidencia de la no neutralidad de algunos loci SSR. El curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa de Sudamérica. Ocho loci SSR fueron analizados en individuos de cuatro poblaciones ubicadas en dos regiones biogeográficas: Paranaense y Yungas para testar el comportamiento neutral de estos marcadores y detectar posibles signos de la acción de la selección. Se estableció el número de alelos y el índice F_{ST} por locus. Además, se estimó la riqueza alélica poblacional. La neutralidad fue testada mediante el método de detección de outliers evaluando la relación entre F_{ST} y H_e . Además, se aplicó el test de Ewens-Watterson para definir las configuraciones alélicas y el test de homocigosis de Watterson junto al test exacto de Slatkin para establecer la probabilidad de neutralidad para cada locus. El test de outliers detectó alejamiento de la neutralidad para los loci *Ac11.2* y *Ac41.1*. Estos loci también mostraron los valores de F_{ST} superiores (0,15 y 0,25, respectivamente). Sin embargo, el locus *Ac11.2* mostró un comportamiento errático en las diferentes pruebas. Por su parte, el locus *Ac41.1* mostró un alejamiento de la neutralidad al aplicar el test de Ewens-Watterson ($P=0,05$). Los resultados sugieren que el locus *Ac41.1* estaría bajo selección purificadora en tanto que el resto de los loci presentarían un comportamiento neutral.

ANÁLISIS DE UN INTRÓN CLOROPLÁSTICO PARA EL ESTUDIO DE EVENTOS DEMOGRÁFICOS HISTÓRICOS EN EL CURUPAY

Calonga Solís V^{1,2}, ME Barranteguy^{1,3,4}, MV García^{1,3,4}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética. FCEQyN. UNaM, ²Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica – Peia de Misiones, ³Instituto de Biología Subtropical (UNaM – CONICET), ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
e-mail: vercasol@gmail.com

Los procesos demográficos históricos están involucrados en la distribución geográfica contemporánea de la variación genética pudiendo contribuir a la divergencia poblacional. En angiospermas, la variación poblacional neutral del genoma cloroplástico es empleada para el estudio de estos procesos. El curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa de Sudamérica. Se analizó la distribución geográfica contemporánea de la variación genética cloroplástica en cuatro poblaciones ubicada en las provincias biogeográficas Paranaense y de las Yungas para estudiar los eventos demográficos históricos. Se analizó un fragmento de 600pb del intrón *trnL* del genoma cloroplástico. Se estimaron los índices de diversidad nucleotídica (π) y haplotípica (h), el número medio de sustituciones nucleotídicas (k) y la riqueza haplotípica (Hr). Las relaciones entre los haplotipos identificados se representaron en una red de haplotipos construida empleando el algoritmo *Median-Joining* (MJ). Se realizó un AMOVA para particionar la variación genética y un SAMOVA para identificar patrones alternativos de subdivisión poblacional. Las poblaciones presentaron niveles reducidos de diversidad genética cloroplástica, niveles elevados de estructuración genética y haplotipos propios en relación a la provincia biogeográfica de origen. La distribución geográfica contemporánea de la variación genética cloroplástica refleja los efectos de la fragmentación histórica.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Araucaria angustifolia* EN EL BORDE ESTE DEL ALTIPLANO CATARINENSE, BRASIL

Schussler G^{1,2}, T Montagna^{1,2}, C Cristofolini^{1,2}, A Mantovani³, MS Reis^{1,2}. ¹Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetales, RGV/ UFSC, ²Núcleo de Investigación en Bosques Tropicales, NPFT, ³Universidad del Estado de Santa Catarina, UDESC.
e-mail: gschussler2000@yahoo.com.br

Araucaria angustifolia (Bert.) O. Ktze, una especie relictiva, que sobrevivió a intensos disturbios climáticos durante toda su historia de vida. En fases cuando el clima se tornaba desfavorable, ocurría la retracción de las poblaciones en refugios. El objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad genética en el Parque Nacional de São Joaquim (28°9'57,63"S e 49°35'0,54"O), en dos poblaciones distantes entre sí 3 Km. En cada población fueron muestreados 50 individuos adultos y 50 regenerantes, manteniendo una distancia media de 50 m entre cada individuo. El genotipado fue realizado a través de marcador isoenzimático utilizando los sistemas: 6PGDH, SKDH, MDH, PGM, PGI, ACP, ME, LAP, IDH e GOT. Se estimaron los siguientes índices: número de alelos, alelos por loci polimórficos (A_p), diversidad genética (H_e), heterocigosidad observada (H_o) y índice de fijación (F). Los 10 sistemas permitieron la evaluación de 12 loci, de los cuales ocho fueron polimórficos. Se percibió la ocurrencia de alelos exclusivos en determinados loci. Fue muestreado un conjunto de 25 alelos distintos en total. Los valores medios de H_e y H_o fueron de 0,083 y 0,078. El valor medio de F fue de 0,060, siendo significativamente diferente de cero ($p < 0,05$) apenas para una de las poblaciones de adultos (0,216). A pesar de la proximidad, las frecuencias alélicas sugieren que las poblaciones muestreadas tienen históricos de formación distintos, indicando que estudios en estos lugares pueden aclarar cuestiones importantes sobre la evolución de la especie y sobre los refugios del pleistoceno.

RELACIONES FILOGEOGRÁFICAS ENTRE POBLACIONES ARGENTINAS DE *Calophyllum brasiliense* CAMB. BASADAS EN ADNCP

Percuoco CB^{1,2}, LN Talavera Stéfani^{1,3,4}, ME Rodríguez⁴, AE Cardozo⁴, NL González⁴, CB Sorol⁴, JV Crisci⁵, CF Argüelles¹. ¹Laboratorio GIGA- Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas (UNaM-CONICET), ²Becaria Tipo II CONICET, ³Becaria Tipo I CONICET, ⁴FCEQyN – UNaM, ⁵Laboratorio LASBE (FCNyM – UNLP). e-mail: ceciliapercuoco@gmail.com

C. brasiliense Camb., “arary”, es una especie arbórea exclusiva de ambientes fluviales y anegados. Los registros más australes de su ocurrencia se observan en poblaciones del NE de Argentina en pequeños remanentes de selvas ribereñas del Río Paraná, en las provincias de Misiones y Corrientes. Bajo la hipótesis de que las poblaciones argentinas pertenecieron a un continuo de selva ribereña en el pasado, y que las mismas han atravesado un extenso proceso de fragmentación provocando la diferenciación genética de las mismas, el objetivo del presente trabajo fue establecer relaciones filogeográficas entre las poblaciones de San Ignacio (Mnes.), Rincón Ombú y Puerto Valle (Ctes.) a partir del estudio de regiones del genoma cloroplástico. Se amplificaron y secuenciaron 2 regiones cloroplásticas, petG-trnP y psbJ-petA. El análisis se realizó en conjunto con 5 regiones estudiadas previamente, contabilizando 8.450 pb del genoma plastidial (5,3 %). Se identificó un único haplotipo cloroplástico para todas las regiones en las 3 poblaciones argentinas. Este hallazgo confirma la hipótesis acerca de la existencia del continuo de selvas ribereñas. Teniendo en cuenta que los procesos de fragmentación ocurridos en la región fueron intensos, se esperaba que las poblaciones mostraran algún grado de diferenciación genética. No obstante, es probable que el tiempo transcurrido haya sido insuficiente para que surjan y se fijen variantes haplotípicas en el genoma plastidial. De esta manera, estos resultados confirman el origen común de los remanentes de “arary” hacia el sur de la Selva Paranaense.

REORDENAMIENTO GENÓMICO EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DEL GÉNERO *Solanum*

Ferrer MS^{1,2}, CF Marfil¹, RW Masuelli^{1,3}. ¹Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM) CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza, ²Instituto de Ciencias Básicas, UNCuyo, Mendoza, ³EAA La Consulta INTA. e-mail: ferrerms@gmail.com

La hibridación interespecífica entre especies tuberosas del género *Solanum* es un evento común y relevante en la generación de nuevos taxa. *Solanum x rechei* (*rch*) es una especie originada por hibridación entre *S. kurtzianum* (*ktz*) ($2n=2x=24$) y *S. microdontum* (*mcd*) ($2n=3x=36$ y $2n=2x=24$). El objetivo general fue caracterizar genéticamente poblaciones naturales de las tres especies y regenerar el evento de hibridación ocurrido en la naturaleza. Se llevaron a cabo cruzamientos sexuales controlados y se contaron cromosomas en plantas de poblaciones naturales e híbridos sintéticos. Se utilizaron marcadores microsatélites (SSR) a fin de estudiar la variabilidad genética de las poblaciones naturales y de evaluar la estabilidad genómica de los híbridos sintéticos. Para dilucidar la dirección del cruzamiento que dio origen a *rch* en la naturaleza se analizaron los patrones de amplificación de cinco secuencias del genoma mitocondrial en todas las poblaciones naturales. Análisis citológicos mostraron que las poblaciones de la especie *mcd* son citotipos triploides y que *rch* es una mezcla de citotipos diploides y aneuploides. A partir del análisis del genoma mitocondrial demostramos que *mcd* actuó como parental femenino en el cruzamiento que originó a *rch* en el área de hibridación. Los patrones de amplificación de 13 SSR mostraron fragmentos únicos, no presentes en los padres, en los híbridos tanto naturales como sintéticos lo que indica que la hibridación interespecífica indujo un reordenamiento genómico entre el 4% y 16% de los fragmentos analizados.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DIPLOIDES Y AUTOPOLIPOIDES DE *Turnera sidoides* SUBSP. *pinnatifida*

Moreno EMS¹, NS Mola Moringa¹, AF Panseri¹, VG Solís Neffa^{1,2}.
¹Instituto de Botánica del Nordeste, ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura.
 e-mail: sariu_200@hotmail.com

Turnera sidoides subsp. *pinnatifida* es, dentro del complejo autopoliploide *T. sidoides* ($x=7$), la subespecie con mayor distribución geográfica y es la más variable morfológicamente. Cuenta con cinco morfotipos que presentan niveles de ploidía desde $2x$ hasta $6x$. En el marco de los estudios evolutivos que se llevan a cabo en el complejo y a fin de contribuir a la comprensión de los procesos que condujeron a la diversificación del mismo, en este trabajo se analiza la variabilidad y estructura genética de poblaciones diploides y poliploides representativos de los cinco morfotipos empleando RAPDs. Los resultados obtenidos demostraron que los morfotipos se diferencian en los polimorfismos que presentan, siendo estas diferencias más evidentes entre poblaciones diploides. Dentro de cada morfotipo, las diferencias en variabilidad genética observadas en los poliploides respecto de los diploides, podrían ser el resultado del origen múltiple de dichos poliploides a partir de poblaciones diploides genéticamente diferenciadas, del flujo génico entre autotetraploides de orígenes independientes, así como de la ocurrencia de rearrreglos genómicos durante el proceso de autoploidización. La falta de correlación entre la distancia genética y la distancia geográfica sugiere que, en esta subespecie, la variabilidad genética observada no puede ser explicada bajo un modelo de flujo génico de aislamiento por distancia, siendo el resultado de deriva génica. Todos estos resultados sustentan la hipótesis de la diversificación de *T. sidoides* subsp. *pinnatifida* a nivel diploide.

CRUZAMIENTOS DIRIGIDOS PERMITEN INTERPRETAR RELACIONES DE HIBRIDACIÓN E INTROGRESIÓN EN GIRASOL SILVESTRE

Mondon A¹, MA Cantamutto^{1,2}, M Poverene^{1,2}. ¹CERZOS - CONICET, ²Dpto. de Agronomía, U.N.S.
 e-mail: almondon@criba.edu.ar

Se analizaron datos morfológicos métricos y categóricos de individuos de biotipo *Helianthus annuus* –ann–, *H. petiolaris* –pet– y fuera de tipo relevados in situ en zonas de simpatría, así como de individuos cultivados en campo experimental. Estos últimos incluyeron progenie de plantas muestreadas in situ y de cruzamientos manuales (cruzamientos cultivo x silvestre, silvestre x silvestre, retrocruzas). El análisis de componentes principales para datos métricos en las plantas evaluadas a campo permitió separar en el primer componente a los individuos ann de pet. Los híbridos interespecíficos se ubicaron entre ellos. Los híbridos cultivo/silvestre se ubicaron cercanos a sus parentales y las retrocruzas mostraron mayor similitud con el parental recurrente. Un resultado similar se observó en el análisis discriminante; cuando en este se incluyeron las plantas caracterizadas in situ, los individuos pet fueron los más uniformes, siendo dificultosa la asignación de plantas ann a su respectiva categoría. Los resultados de análisis de conglomerados fueron concordantes con los anteriores. De acuerdo a esto, la morfología permitió distinguir entre diferentes biotipos, pero la posibilidad de que existan híbridos y varias generaciones de flujo génico agregan variabilidad a las poblaciones analizadas. En algunos casos, sucesivas retrocruzas derivarían en individuos con morfologías similares a la especie *H. annuus* ssp *annuus*. Así, el uso de caracteres morfológicos e individuos “testigo” constituyen una gran herramienta a la hora de determinar el origen de individuos del género *Helianthus*.

HERENCIA DE LA AUTO-COMPATIBILIDAD EN BIOTIPOS DE *Helianthus* INVASORES DE ARGENTINA

Gutierrez A¹, F Rueda², D Scaccia², M Cantamutto^{1,2}, M Poverene^{1,2}.
¹CERZOS - CONICET, ²Dpto Agronomía UNSur.
e-mail: aguti@criba.edu.ar

El mirasolillo, *H. petiolaris*, y el girasol silvestre, *Helianthus annuus* ssp. *annuus*, son especies alógamas, de fecundación entomófila consideradas invasoras. En este género la auto-incompatibilidad se adjudica un sistema esporofítico basado en un gen con alelos múltiples. Un estudio previo (Rueda et al., ALAG 2012) demostró que algunas plantas de poblaciones argentinas de las dos especies mostraron cierto grado de producción de semilla en condiciones de auto-polinización controlada. En el presente trabajo se midió la producción de semilla de la progenie de esas plantas auto-compatibles, por auto-polinización (natural y forzada) y por polinización cruzada (natural). Se utilizó el índice SCI = semilla cuajada luego de polinización manual/ semillas cuajada luego de polinización abierta (Lloyd y Schoen Int. J. Plant Sci. 153, 1992) para clasificar las plantas en auto-compatibles o auto-incompatibles. Se observó que algunas descendencias de plantas auto-compatibles de ambas especies, producían semillas y segregaban para el índice SCI, lo que sugiere la participación de factores que afectan a las interacciones alélicas en el sistema de auto-incompatibilidad. Esos factores ambientales y genéticos se analizaron por medio de ANOVA. Los resultados apoyan la hipótesis de que la selección diferencial de la progenie durante la invasión puede dar lugar a poblaciones que derivan de plantas auto-compatibles.

EFFECTO MATERNO SOBRE LA DORMICIÓN DE SEMILLAS DE *Helianthus annuus* SILVESTRE

Acosta E¹, A Presotto^{1,2}, M Cantamutto^{1,2}. ¹Dpto. Agronomía (UNS),
²CERZOS-CONICET.
e-mail: apresotto@uns.edu.ar

La dormición de semillas es una de los principales caracteres que permite a una especie perpetuarse en el tiempo. El mejoramiento genético ha minimizado la dormición fisiológica del girasol (*H. annuus*), adjudicada al balance hormonal del embrión y/o las coberturas maternas. Dado que las poblaciones naturales de *H. annuus* de Argentina muestran gran variabilidad para este carácter se evaluó el efecto materno sobre la dormición de semilla. Mediante polinización controlada se generó semilla de cruzamientos recíprocos entre biotipos con leve (DIA) o profunda (BAR) dormición y entre estos con híbridos comerciales, Cacique CL y Paraíso 104CL. Los controles fueron semillas generadas por polinización entre hermanas y los materiales comerciales autofecundados. Luego de la cosecha se evaluó la germinación a 20 °C y 12 h de luz. Mediante ANOVA se analizó el efecto materno, paterno y la interacción. Todos los materiales presentaron una profunda dormición post-cosecha. Aunque ambos efectos fueron altamente significativos, el materno fue cuatro veces superior al paterno. La interacción entre efectos fue altamente significativa. DIA disminuyó la dormición de los cruzamientos, como parental materno y en la mayoría de los casos como parental paterno. Los resultados sugieren que las coberturas maternas tendrían una fuerte participación en el control de la dormición de semilla de los biotipos de *H. annuus* naturalizados en Argentina.

CARACTERIZACIÓN DE PLANTAS FUERA DE TIPO EN UNA POBLACIÓN DE *Brassica rapa* LINDANTE A COLZA *B. napus*

Ureta MS, F Torres Carbonell, C Pandolfo, M Cantamutto, M Poverene. Universidad Nacional del Sur, CERZOS-CONICET.
e-mail: msureta@uns.edu.ar

El cultivo de colza ($2n=4x=38$, AACC) tolerante a herbicida en nuestro país presenta el riesgo de transferencia de esa característica a especies silvestres emparentadas. La mayor frecuencia de polinización del cultivo hacia plantas silvestres se ha observado en *B. rapa* ($2n=2x=20$, AA). El objetivo del trabajo fue identificar los individuos fuera de tipo (FT) hallados en poblaciones de *B. rapa* utilizando caracteres morfológicos, análisis cromosómico y citometría de flujo. Se analizaron 1000 plantas provenientes de poblaciones de *B. rapa* del partido de Balcarce, lindantes al cultivo al momento de floración. Los individuos de *B. rapa*, se caracterizaron mediante caracteres morfológicos, utilizando descriptores internacionales (IBPGR), análisis cromosómico y citometría de flujo. Como control se utilizaron 15 plantas de *B. napus* y 15 de *B. rapa*. Se tomaron muestras de hojas jóvenes de las plantas FT y de los posibles parentales y se analizaron mediante citometría de flujo. Se utilizaron botones florales para el estudio cromosómico. Se encontraron 15 plantas con caracteres morfológicos intermedios entre el cultivo y la especie silvestre. Mediante citometría de flujo y citogenética se pudieron confirmar como híbridas 9 de 13 plantas analizadas. Los resultados obtenidos indican que los caracteres morfológicos y la citometría de flujo son adecuados para detectar individuos híbridos en *Brassica*. Asimismo que la transferencia de tolerancia a herbicidas del cultivo de colza a las poblaciones de *B. rapa* es posible, tornándolas malezas de difícil control.

UTILIZACIÓN DE UN PANEL DE 95 SNPs PARA ASIGNACIÓN RACIAL EN EL MERCADO DE CARNE CHINO

Fernandez ME, S Wei², A Rogberg Munoz¹, BL Guo², JP Liron¹, MH Carino¹, NS Castillo¹, MV Ripoli¹, L Melucci³, E Villareal³, P Peral Garcia¹, YM Wei², G Giovambattista¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT La Plata – CONICET - Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina, ²Laboratory of Agro-Products Processing and Quality Control, Ministry of Agriculture, Institute of Agro-products Processing Science and Technology, China, ³Unidad Integrada Balcarce (UIB) Fac Cs Agrarias, UNMDP – EEA (INTA) Balcarce.
e-mail: mfernandez@fev.unlp.edu.ar

En la última década ha habido un incremento en el interés de los consumidores por la calidad e inocuidad de los alimentos, incluyendo su origen. China es un importante importador de carne y productor principalmente a partir de razas nativas. El objetivo del trabajo consistió en evaluar los métodos de asignación racial para diferenciar la carne importada de la producida en China. Se evaluaron 342 animales correspondientes a 16 razas/poblaciones bovinas con 95 SNPs. Las razas analizadas incluyeron 4 poblaciones chinas y las principales razas taurinas, cebuinas y compuestas de la Argentina y la región. Los marcadores genéticos fueron tipificados mediante la técnica de MALDI-TOF utilizando una plataforma SEQUENOM. Los resultados obtenidos mostraron que, a excepción de las razas cebuinas (número promedio de alelos por marcador = 1,65) todos los SNPs en las razas/poblaciones analizadas resultaron polimórficos. La heterocigosidad esperada promedio varió entre 0,16 en Nelore y 0,47 en Holstein. El análisis de componentes principales y de asignación racial evidenció que: i. las carnes cebuinas o con mezcla ($k = 2$), así como la raza Wagyu ($k = 3$) son fácilmente identificadas; ii. las dos principales razas británicas de exportación de la Argentina son fácilmente discriminadas de las restantes ($k = 6$); y iii. a pesar que existiría un componente genético chino, las razas de ese país no forman clusters discretos. En conclusión, los resultados obtenidos evidencian que es posible diferenciar la carne importada de la producida localmente en China mediante el panel de marcadores utilizado.

GPE 25

MONITOREO DEL SURGIMIENTO DE LA RESISTENCIA A GLIFOSATO EN LA MALEZA *Sorghum halepense*

Ulrich N¹, L Fernández¹, L de Haro^{1,2}, M C Martínez^{1,3}, JC Papa⁴, I Olea⁵, HE Hopp^{1,3}, D Tosto^{1,3}.

¹Instituto de Biotecnología, INTA Castelar, Las Cabañas y los Reseros S/N 1686 Hurlingham, Pcia de Buenos Aires, ARGENTINA, ²CONICET, ³FCEyN Universidad de Buenos Aires, ARGENTINA, ⁴EEA Oliveros INTA Santa Fé ARGENTINA, ⁵Sección Malezas, Estación Experimental Obispo Colombes, Tucumán, ARGENTINA.
e-mail: dtosto@cni.inta.gov.ar

Argentina es el tercer país a nivel mundial en cuanto a adopción de cultivos genéticamente modificados OGM. En la campaña 2011-2012 prácticamente el 100% de la superficie de soja fue sembrada con soja tolerante al herbicida glifosato, el maíz y el algodón transgénicos ocuparon el 86% y el 99% del área destinada a esos cultivos. De esta manera la producción agrícola hoy está basada en cultivos transgénicos y debe analizarse su sustentabilidad en el tiempo. La resistencia a glifosato (RG) constituye el carácter más difundido en cultivos transgénicos y la presión de selección que se ejerce sobre las malezas que son blancos de la acción del herbicida son únicas en la historia. En Argentina se comunicaron numerosos focos de RG en Sorgo de Alepo en distintos puntos del país. Muestras de *S. halepense* (55) reportadas como resistentes y susceptibles provenientes de distintas zonas del país fueron analizadas con marcadores microsatélites. Se continuó con la implementación de 12 SSR pertenecientes a 8 grupos de ligamiento diferentes y se evaluó la transferibilidad de 60 SSR nuevos desarrollados para *S. bicolor*. Hasta el momento 6 SSR presentaron las características adecuadas para ser utilizados en el monitoreo de la maleza. El análisis de agrupamiento basado en el índice de similitud de Jaccard evidenció que los individuos se agrupan según el lugar de origen y no de acuerdo a la condición de resistencia/tolerancia a glifosato. Este resultado constituye una observación más que corrobora la hipótesis ya planteada, de acuerdo a resultados previos, sobre el origen múltiple de la RG.