

REPRESENTATIVIDAD DE UNA COLECCIÓN DE *Trichloris* POR CARACTERIZACIÓN ECOGEOGRÁFICA TERRITORIAL (ELC)

Marinoni L¹, A Bortoluzzi¹, M Parra Quijano², J Zabala¹, J Pensiero¹.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral,

²Universidad Politécnica de Madrid.

e-mail: marinonilorena@hotmail.com

Las especies de *Trichloris* son valoradas como forrajeras y por su tolerancia a sequía y salinidad. Para el manejo eficiente de los recursos fitogenéticos nativos es necesario contar con herramientas objetivas para evaluar y mejorar la representatividad de las colecciones *ex situ*. En este sentido, los mapas ELC permiten identificar sitios en el rango de adaptación de las especies donde dirigir los esfuerzos de colecta. En el presente trabajo se pretendió mejorar la representatividad de la colección del género en el banco de germoplasma de la FCA-UNL a través de un viaje de colecta diagramado a partir del análisis de un mapa ELC. Variables relacionadas a la adaptación de las especies fueron sometidas a un análisis estadístico para determinar categorías ecogeográficas. Éstas fueron asignadas a datos georreferenciados de ocurrencia del género y a las accesiones de la colección, para evaluar el ajuste a través de histogramas. Así, se identificaron categorías subrepresentadas o no representadas. Se priorizaron aquellas encontradas para *T. crinita*, ya que el análisis reveló que *T. pluriflora* se encuentra bien representada. Fueron analizados distintos índices de representatividad en función de los nuevos accesos. La colección fue mejorada al incorporar 9 accesos provenientes del límite sur de distribución del género, lo que significó un incremento del 29 % en el tamaño de la colección y de un 22,5 % en el número de categorías representadas. Actualmente se encuentran representadas en la colección de la FCA-UNL el 64 % de las categorías ecogeográficas con datos de presencia del género.

VARIACIÓN GENÉTICA ADAPTATIVA DE PROGENIE DE *Araucaria angustifolia*: SUBSIDIOS PARA SU CONSERVACIÓN

Vieira W¹, RI Duarte^{1,2}, G Schüssler^{1,2}, S Filippon^{1,2}, J Schultz, 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: w.vieiraw@gmail.com

Araucaria angustifolia (BERT.) O. Kuntze es una especie que se encuentra entre Brasil y Argentina, corriendo el riesgo de ser extinta en la actualidad. De este modo, estudios que buscan caracterizar su variación genética en los remanentes de poblaciones son necesarios para proponer acciones de conservación y/o uso de la especie. El objetivo de este estudio fue el de caracterizar la variabilidad de progenies de *A. angustifolia* por medio de las características de su desarrollo inicial. El estudio fue realizado en la Floresta Nacional de Tres Barras – SC, utilizando 27 matrices que procedían del Municipio de Painel – SC. Después de 7 años de la implementación del experimento fueron medidas las características de la altura de los individuos, el Diámetro a la Altura del Pecho (DAP) y la sobrevivencia. Los datos fueron sometidos a un análisis de varianza buscando estimar la heredabilidad en el sentido amplio (h^2). Los valores medios y de h^2 encontrados fueron, respectivamente: para la altura 3,56 m y 23,98 % (CV= 11,66 %), para la sobrevivencia 80,7 % y 21,52 % (CV= 1614 %) y para el DAP 4,56 cm y 25,21 % (CV= 14,12 %). Los coeficientes de heredabilidad indicaron una variación genética media alta para las características evaluadas. Estos resultados contribuyen para el entendimiento de la variación genética adaptativa y para la propuesta y desarrollo de estrategias de conservación de los recursos genéticos de *Araucaria angustifolia*. Financiamiento: CNPq, CAPES e FAPESC.

DINÁMICA DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Araucaria angustifolia* (BERTOL.) KUNTZE EN PAISAJE DE CAMPO

Cristofolini C¹, AG Nazareno¹, G Altrak¹, G Schussler¹, F Steiner¹, AA Zechini¹, GF Paludo¹, A Mantovani², MS Reis¹. ¹Núcleo de Investigación en Bosques Tropicales, Universidad Federal de Santa Catarina-Brasil, ²Universidad del Estado de Santa Catarina-Brasil.
e-mail: carol.cristofolini@gmail.com

A lo largo de la meseta, en la región sur de Brasil, es frecuente la presencia de manchas forestales en medio de una matriz campestre, los capões que son formados por pequeños agregados de vegetación arbórea/arbustiva, hasta grandes fragmentos con presencia de *A. angustifolia*. Con el objetivo de entender la dinámica de la diversidad genética de *A. angustifolia*, en este importante y amenazado paisaje, fueron realizados estudios en una población con diferentes generaciones (progenies, plántulas, jóvenes, adultos) abordando el sistema reproductivo, endogamia y divergencia genética. El muestreo fue realizado en una parcela de 9 ha en paisaje de campo con presencia de capões en la región de la Coxilla Rica (Lages, SC-Brasil). Los individuos fueron genotipados empleando ocho locus SSR. Fueron encontrados 87 alelos (486 individuos), alelos nulos en 3 locus y alelos exclusivos en todas las generaciones. La heterocigocidad media esperada (H_e) fue 0,59 y la heterocigocidad media observada fue 0,53. El valor de FIS fue bajo, indicando ausencia de endogamia en las generaciones. FST (entre las generaciones -0,006) fue bajo, indicando que no hay divergencia entre las generaciones. La tasa de cruzamiento multilocus ($t_m = 1$) y unilocus ($t_s = 0,966$), indicó que no existe cruzamiento entre aparentados. Los resultados para paisaje fueron diferentes de los encontrados en la mayoría de los estudios en el bosque continuo y en fragmentos forestales, la polinización es facilitada posiblemente por la abertura entre los capões, ocasionando flujo génico suficiente para mantener la diversidad genética

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE POMELO PARANÁ MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES

Lezcano CC¹, JO Gieco², CM Anderson³, BI Canteros¹. ¹EEA INTA Bella Vista, CC5, 3432, Bella Vista, Corrientes, Argentina, ²EEA INTA Manfredi, CP 5988, Manfredi, Córdoba, Argentina, ³EEA INTA Concordia, CC34, 3200, Concordia, E. Ríos, Argentina.
e-mail: cclezcano@correo.inta.gov.ar

El pomelo Paraná (ex Dalan Dan) *Citrus x paradisi* es considerado un híbrido natural originario de Asia. Este material requiere describirse molecularmente para su inscripción en los organismos correspondientes y asimismo contribuir al conocimiento de la variabilidad genética como punto de partida para el diseño y desarrollo de programas de mejora productiva. El objetivo de este trabajo fue analizar la variabilidad genética del pomelo Paraná de lotes implantados en la EEA INTA Bella Vista, Ctes. por medio de marcadores moleculares RAPD. Se analizaron muestras de material implantado en 2003 y material clonal en 2010. De cada individuo se seleccionaron hojas jóvenes y se extrajo el ADN total mediante extracción con CTAB. Se realizaron amplificaciones utilizando 4 cebadores arbitrarios (OPAT14, OPB07, OPH15 Y OPI11) seleccionados previamente. A partir de los datos obtenidos se construyeron matrices de presencia/ausencia las cuales fueron analizadas mediante el programa GenAIEx 6.5. El NTB y el NBE en las dos poblaciones fueron reducidos. El PLP y la H_e fueron menores en el lote con material clonal (PLP 68,75 %; H_e 0,29) respecto del lote implantado en 2003 (PLP 87,50 %; H_e 0,31). El ANOVA revela un mayor porcentaje de variación dentro de las poblaciones (87 %) que entre ellas (13 %). De acuerdo a los resultados obtenidos en el presente trabajo se sugiere la utilización de marcadores moleculares del tipo microsatélite o SSR para futuras investigaciones por tener mayor potencial para detectar polimorfismos.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE ZAPALLOS CRIOLLOS (*Cucurbita maxima*) COLECTADOS EN LOS VALLES ANDINOS DE ARGENTINA

Lorello IM¹, SC García Lampasona², IE Peralta³. ¹INTA-FCA (UNCuyo). EEA La Consulta, ex ruta 40 km 96. La Consulta, San Carlos (5567) CC 8. Mendoza, Argentina, ²INTA-IBAM (CONICET)-FCA (UNCuyo). FCA, Alte. Brown 500 Chacras de Coria (M5528AHB), Mendoza, Argentina, ³IADIZA CCT (CONICET)-FCA (UNCuyo). FCA, Alte. Brown 500 Chacras de Coria (M5528AHB), Mendoza, Argentina.
e-mail: ilorello@laconsulta.inta.gov.ar

Conocer la diversidad de los recursos genéticos es fundamental para su conservación en los bancos de germoplasma y su utilización en mejoramiento. Con el objetivo de evaluar la diversidad genética de 27 poblaciones criollas de *Cucurbita maxima* Duch., colectadas en los valles andinos de la Argentina (2005) y conservadas en el Banco de Germoplasma de la EEA La Consulta INTA, se emplearon siete marcadores microsatélites, seleccionados de otras especies de Cucurbitáceas. Los fragmentos se detectaron y seleccionaron con un analizador genético de capilares y los datos fueron evaluados por métodos multivariados. Se obtuvieron 26 alelos con 310 alelos promedio por *locus*. La diversidad genética alcanzó un promedio de 0,26, la heterocigosis observada fue de 0,17, la esperada de 0,23 y el porcentaje de *loci* polimórficos de 45,5 %, siendo el 82 % de la variabilidad intrapoblacional. No se encontró correlación lineal entre la diversidad observada y la distribución geográfica poblacional, y tampoco una clara asociación entre marcadores moleculares y morfológicos. Se establecieron 4 grupos según caracteres de fruto, consumo y diversidad genética. A pesar del alto grado de alogamia de *C. maxima* se observa una menor diversidad genética entre poblaciones que podría explicarse por procesos antrópicos y ambientales, fundamentalmente deriva génica y domesticación a partir de una o muy pocas poblaciones de *C. andreana*. Once poblaciones manifestaron índices superiores de diversidad genética, resultando de interés para generar colecciones núcleo y ampliar la base genética de esta especie.

ANÁLISIS DE FRECUENCIAS ALÉLICAS EN POROTOS SILVESTRES DEL NOA EMPLEANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

Ferreira M¹, M Aparicio^{1,2}, M Menéndez Sevillano¹, D Cuellar¹, M Molas¹, L Ibarra¹, M Galván^{1,2}. ¹INTA EEA Salta, ²CONICET.
e-mail: mzgalvan@correo.inta.gov.ar

La forma silvestre del poroto común (*Phaseolus vulgaris* var. *aborigineus*) crece en los valles húmedos de la región del NOA. Muchas poblaciones se encuentran amenazadas debido a la restricción progresiva de su hábitat a zonas marginales por el avance de la deforestación y las zonas de cultivo. En este trabajo se estudió la variabilidad genética de 6 entradas de porotos silvestres del Banco de germoplasma del NOA recolectadas en diferentes sitios cercanos y alejados de las zonas de cultivo, con el objeto de analizar su variabilidad empleando marcadores microsatélites. Se analizaron 10 individuos por población. Con el ADN extraído a partir de plántulas se realizaron ampliificaciones mediante PCR empleando 4 primers microsatélites. Los fragmentos amplificados se separaron en geles de poliacrilamida 10 % y se tiñeron con GelRedTM. Con los patrones de bandas obtenidos se generó una matriz y se analizaron las frecuencias alélicas por marcador. Para el análisis de los datos se compararon las frecuencias alélicas entre las poblaciones y se agregaron al análisis los patrones de bandas de diferentes variedades comerciales de porotos andinos y mesoamericanos. Los resultados sugieren que para algunos marcadores existe correlación entre la frecuencia alélica y la cercanía a los cultivos.

EVALUACIÓN DE MARCADORES SSR EN POBLACIONES CULTIVADAS DE *Ilex paraguariensis* ST.-HIL

Talavera Stéfani LN^{1,2}, JV Fay^{1,2}, CB Percuoco^{1,3}, V Maslof⁴, C Rojas⁵, M Miretti¹, JC Seijo⁶, CF Argüelles¹. ¹Laboratorio GIGA-Instituto de Biología Subtropical-Nodo Posadas (UNAM-CONICET), ²Becaria Tipo I CONICET, ³Becaria Tipo II CONICET, ⁴Cooperativa Colonias Unidas-Obligado-Paraguay, ⁵Biología Molecular y Genética. UNILA Foz de Iguazu (PR-Brasil), ⁶IBONE, FACENA-UNNE, CONICET. e-mail: li_talavera@hotmail.com

La yerba mate, *Ilex paraguariensis* St.-Hil, especie endémica del continente americano es utilizada ampliamente en la elaboración de diferentes productos, principalmente bebidas estimulantes. Aunque reviste gran importancia socioeconómica para Argentina, Brasil y Paraguay, son escasos los análisis genéticos de poblaciones cultivadas y naturales. Considerando la importancia de la caracterización de las poblaciones para un manejo adecuado de los recursos genéticos, el objetivo del presente trabajo fue evaluar el uso de marcadores microsatélites en la caracterización de la variabilidad genética contenida dentro y entre poblaciones de yerba mate. Para ello, se probaron nueve de veinticinco pares de primers recientemente publicados para la especie. La optimización de los microsatélites se realizó en muestras de individuos pertenecientes a poblaciones cultivadas en el departamento de Itapúa-Paraguay y Aristóbulo del Valle-Argentina. Se obtuvieron productos de amplificación para los nueve pares de primers, y las variantes exhibidas estuvieron dentro del rango esperado (100-450 pb), similar a lo observado en poblaciones naturales de Brasil. Ninguno de los microsatélites ensayados mostró perfil monomórfico para las dos poblaciones analizadas, lo que confirma el valor de estos nueve microsatélites seleccionados para la caracterización de poblaciones naturales y cultivadas de la especie.

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN CERRADA DE CABALLOS APPALOOSA DE ARGENTINA

Corbi Botto CM, SA Sadaba, El Francisco, PB Kalemkerian, G Giovambattista, P Peral Garcia, S Diaz. IGEVET. e-mail: ccorbi@fev.unlp.edu.ar

La caracterización de un recurso zoogenético es crucial en pos de su conservación, identificación y aprovechamiento productivo. El objetivo de este trabajo fue estimar los niveles de variabilidad genética de la población de caballos Appaloosa de la Reserva Ecológica "Los Albores" para evaluar el grado de consanguinidad producto del sistema de cría empleado en la población. Se analizaron ocho marcadores genéticos altamente polimórficos, de tipo microsatélite: AHT4, AHT5, ASB2, HMS3, HMS6, HTG4, HTG10 y VHL20. Las técnicas utilizadas fueron: extracción de ADN genómico a partir de sangre entera total mediante DNAzol®, PCR-multiplex y secuenciación automatizada. De acuerdo a los parámetros estadísticos calculados en la muestra (N= 72), no se evidencia un aumento significativo de individuos homocigotas ($FIS \sim 0$) y la variabilidad genética es elevada ($He = 0,745$), por lo que la población analizada se encuentra en la porción medio-superior de la distribución de diversidad esperada en equinos. Los loci AHT5, ASB2, HTG10 y VHL20 se encuentran en desequilibrio de Hardy-Weinberg (p -valor $> 0,05$). La comparación de las características genéticas con otras razas mostró valores significativos de diferenciación genética. Se concluye que este grupo de animales a pesar del sistema de cría empleado, conserva su variabilidad genética y, dadas sus características particulares representa un recurso equino genético valioso en términos de conservación.