

ESTUDIO TEMPORAL DE VARIABILIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Caiman latirostris*

Amavet PS^{1,2,3}, EC Rueda^{1,3}, A Larriera^{1,2}, BO Saidman^{3,4}. ¹Depto. de Cs. Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, UNL, Ciudad Universitaria, 3000, Santa Fe, Argentina. ²Proyecto Yacaré-Laboratorio de Zoología Aplicada: Anexo Vertebrados (FHUC-UNL/MASPyMA), A. del Valle 8700, 3000, Santa Fe, Argentina. ³CONICET, Argentina. ⁴Depto. Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA, CONICET, Fac. de Cs. Exactas y Naturales, UBA, Ciudad Universitaria, 1428, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: pamavet@fhuc.unl.edu.ar

Se trabajó con muestras de *Caiman latirostris* obtenidas en tres períodos temporales diferentes (2001–2003, 2007 y 2011) en cuatro regiones de la provincia de Santa Fe (Estero de Caminos, Costa del Salado, Estero del Lote 114, y Arroyo Espín). Se realizó la amplificación de todas las muestras utilizando *primers* para cinco loci microsatélites diseñados para *C. latirostris* y un loci (*Amiμ* 20) específico para *Alligator mississippiensis* (especie perteneciente a la misma familia que *C. latirostris*). A partir de los genotipos obtenidos se obtuvieron los estadísticos descriptivos e índices de variabilidad y estructura poblacional empleando el software Arlequín 3.1. Los resultados demuestran una tendencia al aumento de los valores globales de variabilidad desde 2001 a 2011, marcándose como la población más variable a Arroyo El Espín, corroborando datos obtenidos anteriormente aplicando otros marcadores y morfometría. Además se pudo comprobar que no hay estructura entre las poblaciones en cada etapa temporal (2001: F_{ST} global=0,084; 2007: F_{ST} global=0,1533; 2011: F_{ST} global=0,198) y por el contrario se nota una tendencia a la diferenciación tomando cada punto de muestreo a través del tiempo. Estos resultados demuestran que el aumento en el número poblacional de *C. latirostris*, gracias a las actividades de manejo y uso sustentable desarrolladas por el Proyecto Yacaré (MUPCN/MASPyMA) ha sido acompañado por un incremento en la variabilidad genética de las mismas, lo cual supone una adecuada recuperación de las poblaciones santafesinas de la especie.

ESTUDIOS DE VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y HEREDABILIDAD EN *Caiman latirostris* (YACARÉ OVERO)

Imhoff C^{1,2}, P Amavet^{1,2,3}, F Giri^{1,2,4}. ¹Depto. de Ciencias Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, UNL, Ciudad Universitaria, 3000, Santa Fe, Argentina. ²CONICET. ³Proyecto Yacaré-Laboratorio de Zoología Aplicada: Anexo Vertebrados (FHUC-UNL/MASPyMA), A. del Valle 8700, 3000, Santa Fe, Argentina. ⁴Instituto Nacional de Limnología (CONICET-UNL), Ciudad Universitaria, 3000, Santa Fe, Argentina.

e-mail: carolinagimhoff@gmail.com

El estudio de la forma de los cocodrilianos es relevante en los campos del comportamiento, ecología, sistemática, evolución y conservación. A su vez, la integración de los procedimientos geométricos dentro del marco de la genética cuantitativa, permite realizar la evaluación de los componentes de forma heredables. En el presente estudio se analizó mediante técnicas de morfometría geométrica, la forma de la región cefálica de 210 ejemplares de *Caiman latirostris* provenientes de siete poblaciones y se llevó a cabo el cálculo de la heredabilidad de dicha forma. El Análisis de Componentes Principales permitió observar la existencia de dos morfotipos dentro de las poblaciones, además, en el Análisis de Variantes Canónicas, las distancias de Mahalanobis entre grupos, indicaron que existen diferencias significativas de forma entre las poblaciones. Por otro lado, con el método de Mínimos Cuadrados Parciales se comprobó la covariación entre la forma del cráneo y las variables ambientales. En lo que respecta al cálculo de la heredabilidad, se obtuvieron valores altos para la misma en cada una de las poblaciones, pero no se encontraron diferencias estadísticamente significativas en las tasas entre poblaciones. Los resultados llevan a concluir que existen diferencias significativas entre las poblaciones de yacaré overo en lo que refiere a la forma de la región cefálica, que la misma se ve influenciada por las variables ambientales a las que estuvieron expuestos los nidos y que la heredabilidad de la variación de la forma es muy alta pero similar para todas las poblaciones.

ANÁLISIS TEMPORAL DE VARIABILIDAD GENÉTICA DE SÁBALO (*Prochilodus lineatus*) EN EL EMBALSE YACYRETÁ

Vilte GA^{2,3}, GG Garrido³, EC Rueda^{1,2}. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), Laboratorio de Genética. ²Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias (FHUC), Universidad Nacional del Litoral (UNL). ³Proyecto Biología Pesquera Regional (PBPR), Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones (UNaM).

e-mail: vilte.gustavo@gmail.com

El sábalo (*Prochilodus lineatus*) es un pez iliófago, con hábito migratorio que constituye un eslabón crucial en los ecosistemas que integra. Se encuentra en la base de las cadenas alimenticias y participa activamente en la circulación de los nutrientes. Los efectos generados por las represas sobre la trayectoria de los ríos y los recursos ictícos, se convierten en una preocupación para la región, que exige invertir esfuerzos en la generación de conocimientos que permitan diagnosticar la situación actual y su monitoreo. Los análisis genéticos, permiten evaluar el estado de conservación del reservorio genético del recurso. El objetivo del presente trabajo es evaluar la variabilidad genética del sábalo en el embalse Yacyretá en cuatro períodos temporales (1993–2010) usando microsatélites. Se extrajo ADN a partir de escamas de 56 ejemplares y se amplificaron 5 loci microsatélites mediante PCR. Se determinaron los haplotipos de cada ejemplar y se calcularon los parámetros de diversidad genética básica usando el programa ARLEQUIN. El número de alelos por locus fue de 5 a 9,2 (desvío estándar $2,8 \pm 4,4$). Los valores de H_E fueron de 0,59 a 0,82 (desvío estándar $\pm 0,37$ a 0,13), los de H_O fueron de 0,58 a 0,69 (desvío estándar $\pm 0,37$ a 0,13). En cuanto a la estructura genética, no se encontraron diferencias significativas entre los lotes analizados ($F_{ST} \leq 0,01$). Estos resultados preliminares sugieren que las poblaciones tienen un nivel de variabilidad genética adecuado que se mantuvo en el tiempo.

VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Pseudoplatystoma corruscans* Y *P. reticulatum* en LA CUENCA PARANÁ-PARAGUAY

Ponzetto JM¹, Alves AL², Leonardecz E¹. ¹Universidad Federal de São Carlos (UFSCar), São Carlos, SP. ²Embrapa Pesca y Acuicultura, Palmas-TO.

e-mail: josiponzetto@gmail.com

Las especies de peces *Pseudoplatystoma corruscans* y *Pseudoplatystoma reticulatum* pertenecen al Orden de los Siluriformes, una de las riquezas de la región Neotropical. Es endémica del continente sudamericano, con amplia presencia en las principales cuencas fluviales de países como Brasil, Argentina, Paraguay y Uruguay. Considerando la importancia del género, esta propuesta tiene como objetivo caracterizar la variabilidad genética y establecer las relaciones filogenéticas de estas especies. Para esto, 81 especímenes de *P. reticulatum* y 64 de *P. corruscans* (en los ríos de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul y São Paulo, Brasil) se analizaron para ATPase 8/6. Para el gene RAG-1 se analizaron 37 muestras de *P. reticulatum* y 38 de *P. corruscans*. Las topologías obtenidas confirmaron la presencia de dos especies distintas; sin embargo, un espécimen descrito inicialmente como *P. reticulatum* se presentó más estrechamente relacionado con *P. corruscans* para ambos genes analizados, lo que sugiere la ocurrencia de híbridos interespecíficos. Tanto los datos de divergencia genética entre las especies, como los obtenidos por análisis de la varianza molecular confirmaron lo obtenido por las filogenias. Los valores de F_{ST} fueron altos entre las especies, y bajos dentro de ellas, cuando se consideran todas las localidades, lo que sugiere flujo génico entre poblaciones. Definir la distribución de la variabilidad genética de las poblaciones es de importancia fundamental tanto para inferir sobre la conservación de las especies, como para llevar a cabo acciones de manejo adecuadas. Apoyo: FAPESP 2012/03553-8

FILOGEOGRAFÍA DEL PEJERREY PATAGÓNICO (*Odontesthes hatcheri*): EVIDENCIAS GENÉTICAS DE INTROGRESIÓN

Rueda EC^{1,2}, J Sommer³, C Conte-Grand^{1,4}, V Cussac^{1,4}, G Orti⁵. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). ²Laboratorio de Genética (FHUC-UNL). ³University Nebraska-Lincoln. ⁴Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA-CONICET-UNCOMA). ⁵The George Washington University e-mail: evarueda@fbc.unl.edu.ar

El pejerrey patagónico es un pez de agua dulce, que habita en los ríos, embalses y lagos del sur de Argentina y Chile. Se ha demostrado que algunas poblaciones han sufrido el impacto negativo de la introducción de otra especie cercana, el pejerrey bonaerense (*O. bonariensis*), habiéndose encontrado especímenes híbridos. Se llevaron a cabo estudios filogeográficos analizando un total de 443 individuos colectados en 15 sitios de muestreo que cubren el área original de distribución de *O. hatcheri* (pcia. de Santa Cruz, Chubut, Río Negro, La Pampa, Mendoza y San Juan), incluyendo localidades donde la especie *O. bonariensis* ha sido introducida y una población nativa de *O. bonariensis* (Laguna San Lorenzo, pcia. de Bs. As.). Se utilizaron marcadores moleculares para analizar la estructura genética de estas poblaciones. Se amplificaron 13 loci microsatélites de cada individuo y se analizó la estructura genética del grupo utilizando el software *STRUCTURE*. El número de clusters (K) más probable obtenido fue K=12. Las poblaciones El Carrizal, Ullum y San Lorenzo, formaron un grupo genéticamente diferenciado, demostrando una preponderancia de *O. bonariensis* en el área de distribución nativa de *O. hatcheri*. Otros sitios muestran presencia de híbridos. Los resultados señalan que aunque el área de distribución de *O. hatcheri* esta estructurada genéticamente, existen sitios donde hay mayor flujo génico. Todo esto significa una especial llamada de atención frente a las translocaciones de *O. bonariensis* desde la Pampa hacia Cuyo y Patagonia, a través de siembras o transporte de carnada viva.

ESTUDIOS MORFOMÉTRICOS Y MOLECULARES EN POBLACIONES DE *Aegla singularis* DEL SISTEMA DEL PLATA

Loretán G^{1,2}, E Rueda^{1,3}, F Giri^{2,3}. ¹Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe (3000), Argentina. ²Instituto Nacional de Limnología (INALI-UNL-CONICET), Santa FE (3000), Argentina. ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). e-mail: gisela.loretan@yahoo.com.ar

Los Aéglicos son un grupo de decápodos de agua dulce que se han diversificado en América del Sur. Aspectos de su evolución son poco conocidos; una manera de buscar evidencias es mediante estudios de la forma y de la diversidad genética. En este trabajo se analizaron poblaciones de *Aegla singularis* pertenecientes a dos subcuencas del Sistema del Plata (Paraná y Uruguay), de la Provincia de Misiones mediante el uso de técnicas de morfometría geométrica y amplificación de ADN mitocondrial. Se estudió la relación entre los patrones de distribución y la forma de los cangrejos mediante el análisis de las deformaciones relativas con los programas estadísticos del paquete TPS y MorphoJ. Para el análisis de la diversidad y estructura genética de las poblaciones se utilizó el marcador mitocondrial COII. Los resultados de los análisis de morfometría revelaron diferencias estadísticamente significativas de forma entre las poblaciones de las subcuencas del Paraná y la del Uruguay. Sin embargo, los análisis moleculares muestran que no hay estructura genética entre las poblaciones y que la diversidad genética es baja (número de sitios polimórficos= 123, número de haplotipos= 6). La D- tajima y los valores de Fu tampoco fueron estadísticamente significativos. Por estas diferencias se considera que la división entre las poblaciones es reciente por lo que no se expresan a nivel molecular. Considerando que las evidencias de morfometría geométrica y moleculares no coinciden con los resultados encontrados se debería complementar los estudios genéticos con marcadores nucleares.

VARIACIÓN INTERPOBLACIONAL DEL CAMARÓN *Macrobrachium borellii*: ANÁLISIS MORFOMÉTRICO Y MOLECULAR

Torres MV¹, G Loretan², EV Rueda², F Giri^{1,3}. ¹Instituto Nacional de Limnología (INALI-CONICET). ²Facultad de Humanidades y Ciencias (FHUC-UNL).

e-mail: mavictoriatorres@gmail.com

En decápodos de agua dulce estudios de morfometría y genética en poblaciones indican niveles estructurales de acuerdo con la distancia o la separación de las poblaciones en el tiempo y/o en el espacio. Se colectaron 50 camarones de dos sitios (Río Salado y Río Uruguay). Se colocaron 16 *landmarks* en el cefalotórax de los camarones. La variación de la forma fue explorada mediante PCA. La forma de los camarones entre las dos poblaciones fue evaluada con análisis Discriminante. Los estudios moleculares se realizaron amplificando ADN genómico con marcadores ISSR en las dos poblaciones. Los productos de PCR se corrieron en gel de acrilamida para determinar las bandas. El PCA1 (51,15%) presentó la mayor variabilidad morfológica. Las poblaciones fueron ordenadas en relación al PCA2 (14,74%). Las formas de los camarones entre las poblaciones fueron diferentes estadísticamente. Se determinó la presencia de dos *cluster* (k=2) y un valor de FST de 0,15, por lo que las poblaciones están estructuradas. Se encontraron diferencias de variabilidad genética entre las poblaciones. La del Río Salado presentó menor heterocigocidad y menor número de loci polimórficos que la del Río Uruguay. Ambos análisis mostraron diferencias entre las poblaciones de estudio. Las distancias hidrológicas entre los sitios podrían explicar las diferencias interpopulacionales observadas en *M. borellii*. La mayor variabilidad morfológica y genética de los camarones del Río Salado podría estar relacionada a la convergencia de varios cursos de agua en este sitio y a la ubicación aguas abajo con respecto a otros sitios.

ANÁLISIS COMPARATIVO DE GENOMAS MITOCONDRIALES DEL GÉNERO *Meloidogyne*

García LE, MV Sanchez-Puerta. ¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), CONICET-UNCuyo. ²Instituto de Biología Agrícola de Mendoza, IBAM-CONICET, FCA. y FCEN., U.N. Cuyo.

e-mail: lauraevgarcia@gmail.com

El genoma mitocondrial (mtDNA) de animales es una molécula circular y compacta. Sus genes evolucionan a tasas mayores que los genes nucleares, por lo que es particularmente útil para desarrollar marcadores moleculares que asistan en la identificación de especies. Los nematodos del nudo (Género *Meloidogyne*) están entre los patógenos de plantas más dañinos a nivel mundial y debido a que poseen una morfología altamente similar, su determinación taxonómica representa un desafío. En el presente trabajo, se caracterizó el genoma mitocondrial de *Meloidogyne hapla*, que fue obtenido a partir del proyecto genómico completo en la base de datos pública Genbank. Se analizaron los genes que codifican proteínas, rRNAs y tRNAs, el uso de codones, las tasas de sustitución y las relaciones evolutivas a partir de 12 genes. El análisis comparativo entre los genomas mitocondriales de *M. incognita*, *M. graminicola*, *M. chitwoodi* y *M. hapla* mostró que el ordenamiento génico es diferente con translocaciones en los genes que codifican tRNAs. Se observó además una región no codificante con repeticiones en tándem, únicas para cada especie. La comparación global de las secuencias genómicas reveló una identidad superior al 70% en la mayoría de las regiones codificantes, sin embargo, la región entre los genes *nad5* y *cox1* presentó un gran número de polimorfismos, indicando que distintas regiones evolucionan a tasas diferentes. Este estudio es relevante para el desarrollo de la taxonomía molecular del género *Meloidogyne*.

ROL DE LA ASEXUALIDAD EN LA COLONIZACIÓN DE AMBIENTES MARGINALES EN UN GORGOJO PLAGA COSMOPOLITA

Rodriguero MS¹, AA Lanteri², NV Guzman¹, JVC Guedes³, VA Confalonieri¹. ¹IEGEB CONICET-UBA. ²División Entomología, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. ³Departamento de Defensa Fitosanitaria, Centro de Ciências Rurais, Universidade Federal de Santa Maria.
e-mail: rodriguero@ege.fcen.uba.ar

Para el gorgojo plaga de distribución mundial *Naupactus cervinus* se conocen registros de formas sexuales en la selva Paranaense, pero en las praderas de Argentina y Brasil solo hay formas asexuales. El análisis filogeográfico de esta especie permitió inferir su pasado histórico y poner a prueba la hipótesis de partenogénesis geográfica (formas sexuales habitan en áreas centrales y formas asexuales en áreas marginales). Identificamos el área central en el SE de Brasil, que concentra elevada diversidad genética, condiciones ambientales favorables y alta probabilidad de ocurrencia del ancestro de la especie. Detectamos dos expansiones del rango geográfico hacia áreas de vegetación abierta: la primera ocurrió durante el Pleistoceno a través de corredores naturales (ríos Paraná y Uruguay) y la segunda en tiempos contemporáneos, hacia la región pampeana y otros continentes como resultado del comercio. Los cambios en los sistemas de circulación atmosférica causados por las glaciaciones fragmentaron la distribución de *N. cervinus* originando dos grupos altamente divergentes. El SE de Brasil y el delta del Paraná habrían actuado como refugios. Durante el Holoceno ambos grupos entraron en contacto secundario. La carencia de formas sexuales en la muestra estudiada no permitió probar unívocamente el fenómeno de partenogénesis geográfica. El establecimiento de *N. cervinus* en regiones adversas sugiere la existencia de adaptaciones a condiciones más secas y frías que las que prevalecen en la selva Paranaense, que serían mantenidas en desequilibrio de ligamiento por la partenogénesis.

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Oligoryzomys longicaudatus*, RESERVORIO DEL HANTAVIRUS ANDES

Ortiz N¹, RE González-Ittig¹, F Polop³, V Andreo^{1,3}, MC Provensal³, J Polop³, CN Gardenal¹. ¹Instituto de Diversidad y Ecología Animal, CONICET-FCEfyN, Universidad Nacional de Córdoba. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ³Grupo de Investigaciones en Ecología de Poblaciones, Facultad de Ciencias Exactas Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto.
e-mail: natalia_ortizo5@hotmail.com

Como aporte a los estudios sobre el mantenimiento y dispersión del hantavirus Andes en la Patagonia argentina se analizó la estructura genética poblacional de su reservorio *Oligoryzomys longicaudatus* (Cricetidae, Sigmodontinae). Las muestras proceden de los valles El Rincón, El Cajón, El Blanco y Villa Lago Rivadavia de la localidad de Cholila (Chubut) y de Leleque (Chubut), El Bolsón y Bariloche (Río Negro) y Junín de los Andes (Neuquén). Se amplificaron 8 loci de microsatélites y se caracterizó el polimorfismo multilocus de cada individuo. El análisis de F_{ST} reveló diferenciación genética moderada entre poblaciones y el test de Mantel no detectó un patrón de aislamiento por distancia. Los análisis basados en métodos bayesianos (*Structure* y *Geneland*) mostraron la existencia de tres *clusters* genéticos distribuidos latitudinalmente. En concordancia, los árboles de Neighbor-joining y UPGMA también revelaron tres grupos latitudinales de poblaciones. El análisis molecular de la varianza indicó no solo diferencias significativas entre estos grupos, sino también entre poblaciones dentro de cada grupo. Las tasas actuales de migración entre poblaciones, estimadas con BayesAss fueron, en general, bajas. Los resultados sugieren que en el área de estudio los valles, ríos y montañas no serían barreras físicas importantes para la dispersión de la especie. Sin embargo, los niveles actuales de flujo génico entre poblaciones de cada valle serían de moderados a bajos, dato que resulta de interés epidemiológico.

SIGNOS DE DIVERGENCIA HISTÓRICA EN DOS REGIONES NO CODIFICANTES DE ADNCP EN POBLACIONES DE CURUPAY

Barrandeguy ME^{1,2,3}, V Calonga Solis⁴, MV Garcia^{1,2,3}, ED Prado^{3,5}.
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. ⁴Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica, pcia. de Misiones. ⁵Cátedra de Botánica, FCA, UNR. Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe.
 e-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

La reconstrucción de los eventos que han operado sobre la distribución geográfica contemporánea de la variación genética debe contemplar tanto las influencias del intercambio genético contemporáneo como las relaciones ancestrales entre las poblaciones. En angiospermas, la variación poblacional neutral del genoma cloroplástico es empleada para esta reconstrucción ya que este genoma no sufre recombinación reteniendo las huellas de su historia evolutiva en mayor proporción que el genoma nuclear. El curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa de Sudamérica. Mediante el análisis de la distribución geográfica contemporánea de la variación genética cloroplástica se estudió la divergencia histórica en seis poblaciones ubicadas en las provincias fitogeográficas Paranaense y de las Yungas. Se secuenció en ambos sentidos el intrón *trnL* y el espaciador intergénico *ef* ubicado entre el exón 3' y el gen *trnF* del genoma cloroplástico. Se estimó el número medio de diferencias nucleotídicas y la heterocigosis por sitio. Las relaciones filogenéticas entre los haplotipos identificados se representaron en una red de haplotipos construida empleando el algoritmo *Median-Joining* (MJ). Se estableció la distancia genética y el tiempo de divergencia entre los haplotipos hallados. Las poblaciones presentaron niveles reducidos de diversidad genética cloroplástica y niveles elevados de estructuración genética. La divergencia histórica, producto de la fragmentación, se ve reflejada en la distribución geográfica contemporánea de la variación genética cloroplástica.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE DOS POBLACIONES DE *Pitangus sulphuratus* (TYRANNIDAE, PASSERIFORMES)

Da Ponte LN¹, TM Degrandi¹, R Kretschmer¹, FP Torres¹, AV Garnero¹, RJ Gunski¹. ¹Universidade Federal do Pampa.
 e-mail: letitdp@hotmail.com

La clase Aves incluye 9.600 especies y esta presionada por la fragmentación del hábitat. A pesar de su importancia, estudios genéticos que evalúen los efectos de este proceso en la estructura genética de las poblaciones de aves son escasos. *Pitangus sulphuratus* popularmente conocido como “bentevo”, presenta una amplia distribución en América del Sur, siendo una de las más abundantes especies de la familia Tyrannidae. El objetivo de este estudio fue analizar y comparar índices de diversidad genética en dos poblaciones de *P. sulphuratus* del Bioma Pampa-Río Grande do Sul/Brasil. Se tomaron muestras de sangre de 24 ejemplares de *P. sulphuratus*, que se dividieron en dos poblaciones de acuerdo con el municipio en las que fueron colectadas: San Gabriel-SG, n=10 y Don Pedrito-DP, n=14. La extracción de ADN genómico se realizó con kits comerciales y los análisis de diversidad y distancias genéticas se realizaron con datos de amplificaciones de cinco *loci* microsatélites (Sap96, Sap50, Sap104, NF1112, NF2930). Se observó un total de 75 alelos para los cinco loci. El número de alelos por locus varió de 13 para Sap104 a 17 para Sap96 y NF1112, el promedio de alelos por locus fue de 15. Los *loci* evaluados mostraron un número de alelos observado mayor que el esperado, este resultado indica que *P. sulphuratus* tiene alta variabilidad genética. Los análisis de distancia genética evidenciaron una superposición entre las muestras SG y DP, lo que indica la existencia de una única población, y que a pesar de la fragmentación de los hábitats, no hay barreras para el flujo de genes en esta región.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL CERDO (*Sus scrofa domestica*) UTILIZANDO STR'S EN CÓRDOBA, COLOMBIA

Pardo Pérez E¹, T Cavadía Martínez¹, I Meléndez Gelvez². ¹Universidad de Córdoba. ²Universidad de Pamplona.

e-mail: kikepardoperez@yahoo.com

El cerdo es un mamífero artiodáctilo, perteneciente a la Familia Suidae. Estudios paleontológicos indican que los cerdos aparecieron en bosques y pantanos del continente Euroasiático hace unos cuarenta millones de años. La diversidad genética de los cerdos domésticos necesita ser estudiada con el fin de desarrollar una adecuada estrategia de conservación para esta especie. En este trabajo, hemos utilizado marcadores microsátélites para analizar la diversidad genética del cerdo. Tres poblaciones (Momil, Cereté y Tierralta) en Córdoba, Colombia se genotipificaron con 20 microsátélites recomendados por la FAO/ ISAG para las investigaciones de la variabilidad genética de los cerdos. Todos los loci fueron polimórficos, con el número de alelos que van desde 6 (S0385) y 16 (SW1041). En todas las poblaciones se observó una sustancial variación genética. La población de cerdos en Momil muestra la variabilidad genética más baja. Pese a la amplia variación intrapoblacional, la diferenciación genética entre las 3 poblaciones fue moderada. El árbol Neighbor-joining reveló las relaciones genéticas implicadas mostrando la cercanía entre las poblaciones de Momil y Cereté y de éstas a su vez con Tierralta mientras que el análisis de componentes principales mostró la relación más estrecha entre Momil y Cereté. Los resultados permiten concluir que las poblaciones estudiadas expresan una apropiada diversidad genética.

DIVERSIDAD MITOCONDRIAL EN CINCO POBLACIONES DE VICUÑAS

Anello M¹, MS Daverio², SR Romero³, F Rigalt⁴, L Vidal Rioja², F Di Rocco⁵. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-CICPBA La Plata, Becaria CIC. ²Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-CICPBA, La Plata. ³EEA Abra Pampa, INTA-Jujuy. ⁴EEA, INTA Catamarca. ⁵Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-CICPBA, La Plata, Investigadora CIC.

e-mail: melianello@gmail.com

La vicuña estuvo al borde de la extinción hacia fines de los 60, sin embargo, el dictado de leyes para su protección permitió su recuperación y el aprovechamiento actual de su fibra bajo manejo, tanto en silvestría como en cautiverio. Es ampliamente aceptado que la utilización de una especie debe ser controlada para evitar el impacto genético y ecológico y asegurar un uso sustentable. Con este motivo previamente analizamos la diversidad de vicuñas con marcadores STR. En este trabajo, estudiamos la diversidad genética del ADNmt de 4 poblaciones de vicuñas silvestres de Catamarca y Jujuy y de una en cautiverio. En 121 muestras amplificamos y secuenciamos 563 pb de la región control del genoma mitocondrial. Las secuencias se editaron con Geneious 7.0.5, los parámetros de diversidad se calcularon con DnaSP 5.10 y mediante Network 4.6 construimos una red de haplotipos. Identificamos 17 haplotipos distribuidos en tres *clusters* bien diferenciados, cada uno compuesto por individuos de distinto origen geográfico. Tres de las cinco poblaciones presentaron haplotipos privados, la diversidad haplotípica varió entre 0,69-0,89 y la diversidad nucleotídica entre 0,018-0,023. Las poblaciones de Catamarca y Jujuy exhiben una significativa diferenciación genética. Si bien todas las poblaciones muestran alta diversidad genética, tanto con marcadores STR como con ADNmt, la población en cautiverio presenta los valores más bajos en varios de los parámetros evaluados. Los resultados observados, por tanto, indican la importancia del monitoreo periódico de la diversidad para preservar la especie.

ESTRUCTURA POBLACIONAL PAMPEANA EN LA TUCURA CON DIMORFISMO ALAR

Dichroplus vittatus

Rosetti N¹, MI Remis¹. ¹Lab. Genética de la Estructura Poblacional, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Cs. Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

e-mail: mariar@ege.fcen.uba.ar

Dichroplus vittatus, una tucura ampliamente distribuida en nuestro país, se caracteriza por presentar algunas poblaciones con dimorfismo alar (formas braquípteras y macrópteras). Para analizar la diferenciación genética y fenotípica se estudió un fragmento de 543 pb del gen COI mitocondrial y se midieron 5 rasgos relacionados con el tamaño corporal en 4 poblaciones pampeanas. Los estudios genéticos detectaron 4 sitios polimórficos que determinaron 6 haplotipos. Los AMOVAs utilizando los estadísticos Φ_{ST} y F_{ST} no detectaron una estructura poblacional significativa. Los índices de diversidad fueron relativamente bajos, mientras que el índice D de Tajima reveló que la población de Winifreda es la única que ajusta a un modelo de expansión reciente ($D=-1,73$, $P=0,01$). La red de haplotipos indicó un moderado componente geográfico de variación. Se detectó heterogeneidad significativa en las frecuencias de los morfos alares ($X^2=50,09$; $P<10^{-4}$). El MANOVA demostró diferencias altamente significativas en el tamaño corporal entre poblaciones, ($F=4,79$; $P<10^{-4}$), entre sexos ($F=378,81$; $P<10^{-4}$) existiendo dimorfismo sexual sesgado hacia las hembras y entre morfos alares ($F=582,87$; $P<10^{-4}$) siendo los macrópteros los más grandes. Estos resultados señalarían que las poblaciones con mayor frecuencia de formas aladas y robustas experimentarían mayor capacidad de dispersión. Dada la diferencia en la incidencia del morfo altamente capacitado para la dispersión entre poblaciones es probable que la homogeneidad genética detectada se deba principalmente a polimorfismos ancestrales compartidos.

VARIABILIDAD EN EL ADNMT, REGIONES MINISATÉLITES Y CROMOSOMAS B EN LA TUCURA *Dichroplus elongatus*

Rosetti N, M Zelarayan, MI Remis. Lab. Genética de la Estructura Poblacional, Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Cs. Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

e-mail: mariar@ege.fcen.uba.ar

Dichroplus elongatus es un Acrido de distribución sudamericana que presenta polimorfismos para cromosomas B. El presente trabajo evalúa las relaciones entre los B y marcadores moleculares verificando la concordancia entre la estructura genética y cariotípica en 12 poblaciones de ambas márgenes del río Paraná. Los estudios moleculares analizaron 155 loci minisatélites y un fragmento de 526 pb del gen mitocondrial COI. A nivel nuclear, los portadores de B mostraron mayores valores de diversidad genética mientras que el AMOVA jerarquizado reveló diferencias significativas entre individuos con y sin cromosomas B en la poblaciones distribuidas al Este del río Paraná ($\Phi_{PR}=0,034$; $P=0,0018$). Asimismo, el análisis bayesiano reveló 11 *clusters* genéticos separando como grupos diferentes a los individuos portadores de B y estándar en dos poblaciones de la región Este. A nivel del ADN mitocondrial, las estimas de la diversidad genética son significativamente menores en los portadores de B respecto a los individuos estándar en la región Este mientras que el AMOVA reveló que el 28% de la variación se observa entre cariotipos ($\Phi_{ST}=0,284$, $P=0,0029$). La discrepancia en la estructura genética, encontrada entre los diferentes marcadores para los diferentes cariotipos puede deberse a diferencias en el tamaño efectivo, diferencias en las tasas de mutación y/o un sesgo en la dispersión. Adicionalmente los estudios de ADNmt indicarían que la aparición de cromosomas B en la región Este es más reciente y que durante la misma, los B han estado asociados a algunos haplotipos particulares.

DIFERENCIAS MORFOMÉTRICAS ENTRE *Anastrepha fraterculus* (DIPTERA) EMERGIDAS DE HOSPEDEROS SIMPÁTRICOS

Paulin LE^{1,2}, PV Gómez Cendra^{1,2}, LE Oroño^{3,4}, SM Ovruski⁴, JC Vilardi^{1,2}.

¹Genética de Poblaciones Aplicada, EGE, FCEyN, UBA. ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBBA)-CONICET.

³Universidad Nacional de Chilecito, La Rioja. ⁴LIEMEN-DCBP-PROIMI Biotecnología (CONICET), Tucumán.

e-mail: lpaulin@ege.fcen.uba.ar

Anastrepha fraterculus (Wied) (Diptera: Tephritidae) es una plaga de los frutos que se distribuye desde México hasta Argentina. Su gran diversidad morfológica, con al menos 7 morfotipos, y la diferenciación genética entre regiones sugieren que más que una especie biológica sería un complejo de especies sinmórficas. Aunque en Argentina estaría presente uno solo de los morfotipos descritos, en estudios previos se observaron diferencias moleculares entre moscas emergidas de hospederos alternativos. En este trabajo se analizaron las diferencias en el fenotipo multivariado entre moscas emergidas de tres hospederos alternativos simpátricos (guayaba, nogal y durazno) en Horco Molle, Tucumán (Argentina). Se midieron 6 caracteres morfométricos y se aplicaron métodos estadísticos tradicionales (ANOVA, MANOVA) y bayesianos (*Geneland*). Los resultados mostraron diferencias significativas entre moscas emergidas de nogal y de durazno, que están geográficamente cerca y fructifican en la misma época (noviembre-diciembre). Las moscas emergidas de guayaba, que fructifica en febrero-marzo, no difieren de las de nogal pero sí de las de durazno. Los resultados son compatibles con la hipótesis de que la población emergida de nogal sería capaz de colonizar frutos de guayaba cuando aquel fruto ya no está disponible, pero que la población emergida de durazno utilizaría otro hospedero no identificado. Se postula que la preferencia de hospedero podría haber sido un mecanismo importante en la evolución de los diversos morfotipos identificados.

FECUNDIDAD EN 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: fnorry@ege.fcen.uba.ar

El nivel de actividad de los organismos depende de la temperatura. Los genes responsables de la respuesta al estrés pueden tener efectos directos sobre caracteres relacionados al *fitness*, como es la fecundidad. Este trabajo exploró el efecto de dos QTLs (*Quantitative Trait Loci*) de resistencia al calor sobre la fecundidad en alta y moderada temperatura en *Drosophila melanogaster*. Se utilizaron dos líneas homocigotas para alelos de dos QTLs de resistencia al calor en el cromosoma X (bandas 10A1-A2) y cromosoma 2 (bandas 34C-42F), mientras que el resto del genoma no segrega QTL para fecundidad. Para cada QTL, una línea es homocigota para el alelo de QTL resistente al calor y la otra línea es homocigota para el alelo sensible al calor. Se midió la fecundidad a 25° C y 30° C como así también bajo un tratamiento cíclico (8 hs: 16 hs a 25° C y 30° C, respectivamente) en hembras de cada línea. Se contabilizó el número de huevos puestos por cada hembra durante los primeros 15 días de vida. No se observaron diferencias significativas para la fecundidad a 25° C como tampoco bajo el tratamiento cíclico entre las líneas de alta y baja termotolerancia. En alta temperatura (30° C), la línea de alta resistencia al calor presentó mayor fecundidad que la de baja resistencia para el QTL del cromosoma X, no observándose diferencias para el QTL del cromosoma 2. Los resultados indican que los genotipos responsables de la resistencia al estrés térmico pueden tener efectos importantes sobre la fecundidad bajo condiciones de estrés térmico, sugiriendo efectos pleiotrópicos de los genes involucrados.

VARIACIÓN MORFOLÓGICA EN *Drosophila melanogaster*: BASES GENÉTICAS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE

Ortiz V¹, JJ Fanara¹, VP Carreira¹. ¹Depto. Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. IECEBA (UBA-CONICET).
e-mail: jjfanara@ege.fcen.uba.ar

Los caracteres adaptativos son de naturaleza cuantitativa y como tales su variación esta determinada por un componente ambiental y por la acción de poligenes que intervienen en su expresión. El componente genético de la variación fenotípica es la materia prima sobre la que operan las fuerzas evolutivas, que en el caso de la selección natural conduce al cambio adaptativo. Por lo tanto, dilucidar las bases genéticas de la variación fenotípica es necesario para comprender las relaciones genotipo-fenotipo en cuanto a sus componentes y mecanismos de cambio. Bajo este marco conceptual se estudió la arquitectura genética del tamaño corporal de *Drosophila melanogaster* identificando y caracterizando los polimorfismos genómicos que co-expresan en diferentes ambientes mediante análisis de asociación de genomas completos (GWAS). Particularmente, se analizó la variación de diversos caracteres morfológicos de ambos sexos criados a 17° C y 25° C en líneas provenientes de una población natural de las que se dispone de la secuencia de todo el genoma. Los resultados mostraron variabilidad genética natural contexto dependiente (sexo y temperatura) en todos los caracteres estudiados, siendo el aporte de la varianza debida a los factores genéticos muy importante en todos los casos. Los análisis de asociación fenotipo-genotipo (GWAS) permitieron identificar distintos polimorfismos genómicos responsables de la variación fenotípica. Estos polimorfismos naturales se encuentran en diferentes genes candidatos siendo, la gran mayoría de ellos, específicos de cada carácter y contexto-dependiente.

QTL PARA LONGEVIDAD EN LÍNEAS RECOMBINANTES DE *Drosophila melanogaster* SOMETIDAS A DESHIDRATACIÓN

Viegas MC¹, FH Gomez¹, FM Norry¹. ¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IECEBA-CONICET). Intendente Güiraldes 2160, Ciudad Universitaria, Pabellón 2, C1428.
e-mail: mceles91@hotmail.com

El estrés por deshidratación afecta la distribución, abundancia y envejecimiento de los organismos en la naturaleza. En el presente trabajo utilizamos la deshidratación como modelo de estrés y *Drosophila melanogaster* como organismo modelo para mapear loci de carácter cuantitativo (QTL) de longevidad en individuos sometidos a un ambiente de baja humedad relativa. Utilizamos el mapeo de intervalo compuesto como rutina analítica para identificar QTL en dos grupos de líneas recombinantes endocriadas (RIL) de *D. melanogaster* derivadas de poblaciones de diferente origen geográfico, RIL-D y RIL-SH. La identificación de QTL para la longevidad en condiciones de estrés ambiental es fundamental para comprender la base genética de la longevidad, ya que la tasa de envejecimiento suele estar causalmente relacionada al estrés ambiental y la mayoría de los organismos estan expuestos a este tipo de estrés en la naturaleza. El mapeo de intervalo compuesto reveló QTL que afectan a la longevidad en forma significativa en las hembras de ambos grupos de RIL. Ningún QTL significativo fue detectado en los machos. Estos resultados indican la existencia de variabilidad genética y un marcado dimorfismo sexual para la resistencia a la deshidratación en *D. melanogaster*.

ESTRUCTURACIÓN GEOGRÁFICA DE POBLACIONES DE *Stegomyia aegypti* EN LA CIUDAD DE CÓRDOBA

Ayala AM¹, NS Vera², WR Almirón¹, CN Gardenal¹. ¹Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA, CONICET-Universidad Nacional de Córdoba). ²Cátedra de Genética de Poblaciones y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba.

e-mail: anitamariayala@gmail.com

Stegomyia aegypti (Diptera, Culicidae) es el principal vector de Dengue y Fiebre Amarilla. La dispersión de las hembras está fuertemente condicionada por la disponibilidad de sitios adecuados para la oviposición, que generalmente se encuentran en áreas domésticas reducidas. Dado su corto rango de vuelo (100 m) y la comprobación de que ciertas condiciones espaciales actúan como barrera de desplazamiento, la dispersión a mayores distancias se explicaría por migración pasiva. Con el objeto de conocer el rango dispersivo de esta especie en ambientes urbanos, se inició el análisis de la estructura genética a escala geográfica fina. Utilizando microsátélites como marcadores moleculares se determinó el genotipo multilocus en individuos recolectados en 5 sitios, separados por 7-13 km entre sí, ubicados en el NO, NE, Centro, SO y SE de la ciudad de Córdoba. Luego de probar con una serie de loci descriptos para la especie, se seleccionaron 8 que mostraron alta variabilidad alélica. La heterocigosis media observada (H_o) fue de 0,57 y la esperada (H_e), 0,68; el número alélico por locus osciló entre 3 y 11. Mediante un análisis de agrupamiento Bayesiano, se identificaron 5 grupos de individuos (poblaciones) coincidentes con los sitios de muestreo, indicando alta estructuración genética dentro del área estudiada. El n hasta ahora analizado es bajo, por lo que se continúan analizando más individuos de cada sector a fin de correlacionar los resultados con datos epidemiológicos, larvales y ambientales. Se espera así aportar a la capacidad predictiva de fluctuaciones demográficas del mosquito.

LAS YUNGAS: UN DESAFÍO PARA ESTUDIOS DE DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN POBLACIONES DE CEBIL

Goncalves AL^{1,2,3}, MB Barrandeguy^{1,2,3}, MV García^{1,2,3}. ¹Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. ²Instituto de Biología Subtropical (UNAM-CONICET). ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.

e-mail: alej.gonc@gmail.com

Las Yungas se localizan en el NO argentino presentando una distribución discontinua en el sentido N-S que podría incidir en el patrón de distribución geográfico de la biodiversidad. El cebil (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie dominante del Pedemonte de las Yungas. Se analizaron cuatro loci SSRs nucleares en 98 individuos de ocho poblaciones naturales para caracterizar la diversidad genética, determinar la estructura genética poblacional y analizar la distribución geográfica de la variación genética. Se estimaron parámetros de diversidad, se infirió la estructura genética poblacional mediante algoritmos bayesianos empleando un modelo *admixture*, se realizó un Análisis de Varianza Molecular a partir de los grupos definidos y se estimó el índice F_{ST} . Las poblaciones presentaron elevada diversidad genética, excepto las provenientes de Catamarca las cuáles presentaron baja diversidad y escaso número de alelos a elevadas frecuencias. Mediante el análisis bayesiano y en base a sus genotipos multilocus los individuos fueron asignados a tres grupos conteniendo dos de ellos individuos de Jujuy, Salta, Tucumán y Santiago del Estero lo cual indicaría presencia de flujo génico y/o una dinámica histórica compartida entre estas poblaciones, en tanto que los individuos de Catamarca fueron asignados a un único grupo lo cual podría indicar una colonización reciente. El mayor porcentaje de variación estuvo contenido dentro de las poblaciones (86%) y el índice $F_{ST}=0,14$ ($p<0,05$) indicó una estructuración genética moderada entre las poblaciones reflejando moderado flujo génico.

IMPACTO DEL MANEJO SILVÍCOLA EN LA ESTRUCTURA GENÉTICA DEL BOSQUE MIXTO DE *Nothofagus*

Sola G^{1,2}, V El Mujtar², L Gallo². ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), San Martín de los Andes, Argentina.

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Unidad de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal, Bariloche, Argentina.

e-mail: solageor@yahoo.com.ar

La implementación de prácticas silvícolas en bosques nativos podría afectar sus procesos microevolutivos y su sostenibilidad ecológica. Si bien el manejo silvícola del Bosque Mixto de *Nothofagus nervosa*, *N. obliqua* y *N. dombeyi* se realiza bajo jurisdicción del Parque Nacional Lanín desde 1980, hasta el momento se desconoce mayormente su impacto. Por tal motivo, en este trabajo se evaluó la dinámica de la regeneración y la estructura genética de una parcela de 3 ha intervenida mediante aclareos sucesivos en el año 1993, combinando mapeo de individuos adultos y regeneración y caracterización genética con microsatélites (2000 individuos con 15 marcadores). Los resultados muestran cambios en la composición relativa de especies en la regeneración, con un patrón temporal variable entre las mismas. A nivel genético se encontró un mayor número de alelos en renales que en adultos de *N. obliqua* y *N. dombeyi*, determinado por una mayor contribución de: i) alelos de baja frecuencia (<2,5%) y ii) individuos híbridos en la regeneración. En tanto que no se encontró diferencia significativa en la tasa de endogamia entre adultos y regeneración para ninguna de las especies. Este análisis muestra que el mayor impacto del aprovechamiento a corto plazo es el cambio en la composición específica debido probablemente a la modificación de condiciones ambientales asociadas con la apertura del dosel. Esto facilitaría aparentemente el proceso de flujo génico intra e interespecífico. El seguimiento de este estudio permitirá comprender el impacto a largo plazo de las intervenciones silvícolas.

ALTURA INICIAL EN PLANTINES DE *Nothofagus obliqua*: UN ATRIBUTO HEREDABLE CON IMPLICANCIAS ECOLÓGICAS

Barbero FA¹, MJ Pastorino^{1,2}. ¹INTA EEA Bariloche, Unidad de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal, CC 277 (8400) Bariloche. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

e-mail: pastorino.mario@inta.gob.ar

La altura inicial de un plantín en especies forestales esta relacionada con su capacidad de supervivencia, aptitud competitiva y potencial de crecimiento. Para analizar la variación genética de poblaciones naturales argentinas de roble pellín [*Nothofagus obliqua* (Mirb.) Oerst.] en altura al primer año de vida (H), se instaló un ensayo en invernáculo con plántulas de 98 familias de polinización abierta correspondientes a 7 poblaciones, con un DCA de parcelas de 7 plantas por repetición y 6 repeticiones por familia (3024 plantas totales). Se midió H de cada planta. Se hizo un ANOVA con un modelo lineal mixto, con familias (aleatorias) anidadas dentro de poblaciones (fijas) y se estimaron parámetros genéticos poblacionales: heredabilidad (h^2), coeficiente de varianza genética aditiva (CV_A) y diferenciación entre poblaciones (Q_{ST}). La H media de todo el ensayo fue de 53 cm. Se probaron diferencias significativas entre poblaciones y variabilidad entre familias. La población del extremo norte y altitudinal (1.500 msnm) de la distribución argentina de la especie (Epulauquen) fue la de menor H media (38,8 cm) pero la de mayor variación intrapoblacional según CV_A (16,99; $h^2=0,21$; $SD_{(h)}^2=0,003$). La diferenciación entre poblaciones fue moderada ($Q_{ST}=0,35$) y mayormente determinada por Epulauquen. También se probaron correlaciones con altitud y latitud. Estos resultados evidencian un proceso de adaptación que lleva a recomendar la preservación de los acervos genéticos locales en programas de restauración y el uso de las procedencias adecuadas en planes de forestación productiva.

EVIDENCIAS DE ADAPTACIÓN LOCAL PARA CARACTERES CUANTITATIVOS EN *Prosopis alba* (LEGUMINOSAE)

Besega C¹, M Ewens², BO Saidman¹, JC Vilardi¹. ¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. ²Estación Experimental Fernández, Departamento de Robles, Santiago del Estero.

e-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

Las señales de selección natural sobre caracteres cuantitativos pueden detectarse mediante la comparación de los patrones de distribución de la variación de dichos rasgos con los de *loci* neutros o por la comparación de las matrices de similitud de ambientes y fenotipos. Se estudiaron en *Prosopis alba* señales de ocurrencia de selección sobre 15 rasgos cuantitativos mediante tres aproximaciones: a) comparación Q_{ST} - F_{ST} tradicional, b) test Q_{ST} - F_{ST} multivariado y c) tests de neutralidad S y H . Se analizaron 172 individuos pertenecientes a 32 familias de medios hermanos procedentes de 8 orígenes cultivados en un huerto experimental en San Carlos, Santiago del Estero. La diferenciación genética estimada a través de los marcadores SSR resultó significativa ($F_{ST} = 0,069$ IC95%: 0,022-0,114, $p < 10^{-4}$). Los Q_{ST} estimados para rasgos cuantitativos variaron entre cero (largo de espina) y 0,325 (número de pinas), con un rho multivariado de 0,32. La comparación de los Q_{ST} individuales con los F_{ST} sugiere selección direccional sobre algunos rasgos y estabilizadora sobre otros. El test multivariado rechazó la hipótesis de neutralidad de los rasgos cuantitativos. Los tests S y H fueron consistentes mostrando selección direccional sobre 7 rasgos. La inclusión de variables ambientales en el test H señaló a las horas de sol y la velocidad de viento como las variables ambientales que más afectan la variación cuantitativa de los rasgos estudiados. Se concluye que las poblaciones han experimentado selección natural divergente para los rasgos estudiados y se da evidencia de adaptación local.

INFLUENCIA DEL PAISAJE EN LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Euterpe edulis* MARTIUS (ARECACEAE)

Montagna T^{1,2}, JZ Silva^{1,2}, F Steiner², VH Buzzi^{2,3}, NG Andrade³, MS Reis^{1,2}. ¹Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina. ²Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais/Universidade Federal de Santa Catarina. ³Faculdade de Agronomia/Universidade Federal de Santa Catarina.

e-mail: gunnermontagna@gmail.com

Euterpe edulis es una palmera nativa del Bosque Atlántico, conocida por producir el palmito y la pulpa açai. Sus poblaciones sufrieron severas reducciones, especialmente por su histórico uso y hoy se encuentran en un bioma bastante fragmentado y reducido. El objetivo de este estudio fue evaluar la influencia de características del paisaje en indicadores de diversidad genética de individuos reproductivos y regenerantes de *E. edulis*. Fueron muestreados adultos y regenerantes (50 de cada) en nueve poblaciones (fragmentos), siendo estas muestras genotipadas con 14 locus isoenzimáticos. A través de un análisis de redundancia (RDA) la variación en los índices genéticos fue restringida por la variación de las métricas de mancha que describen los fragmentos donde están cada par de poblaciones. Las métricas utilizadas fueron área, índices de forma y de proximidad, relación perímetro/área y distancia del vecino más próximo. Las poblaciones reproductivas presentaron, en promedio, 29 alelos, $\hat{H}_E = 0,229$, $\hat{H}_O = 0,202$ y $f = 0,120$, las regenerantes, 28 alelos, $\hat{H}_E = 0,214$, $\hat{H}_O = 0,218$ y $f = -0,019$. Las RDA no fueron significativas ni para los adultos ni para los regenerantes, señalando que la manutención de las heterozigosidades y la reducción entre las cohortes son poco influenciadas por las métricas de paisaje estimadas. La biología reproductiva de la especie parece tener papel más importante que el paisaje en la variación de los índices de diversidad genética. Apoyo: FAPESC-IFF/SC, CAPES, CNPq

PARENTAGE ANALYSIS IN TWO CONTIGUOUS FOREST FRAGMENTS CONTAINING *Araucaria angustifolia* BERTOL KUNTZ

Klabunde GHF¹, TC Tomazetti¹, MD Rossarola¹, R Matielo², VM Stefenon², RO Nodari¹. ¹Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, UFSC, Florianópolis, Brasil. ²Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Brasil.

e-mail: klabunde.gustavo@gmail.com

Brazilian pine tree (*Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze) is one of the four native conifers from Brazil and the most threatened due to decades of massive logging, and crop and livestock expansion. Brazilian pine's landscapes are intensely fragmented, especially in Southern Brazil, causing disruption in gene flow. Two contiguous forest fragments, far apart by 1.060 m, were sampled in Santana da Boa Vista, RS, Brazil, aiming to analyze gene flow between fragments through pollen and seed. The 1st site contains adults of *A. angustifolia* (n=36) and the 2nd forest site contains only juveniles (n=51). DNA were isolated from leaf tissue of all existing plants and genotyped with nine SSR loci (Aang01, Ag20, Ag23, Ag45, Ag56, Ag62, Ag94, CRCA1 and CRCA2) by capillary electrophoresis. The amplified number of alleles ranged from two (CRCA1) to 14 (Ag94; Aang01) with an average of 8 alleles per locus and a total of 72 amplified alleles. Parentage analysis (Parent Pair-Sexes Unknown) was performed with the Cervus 3.0 software. Six out of 51 juveniles are full offspring (recipients of pollen and ovule) from candidate parents of the 1st site, 14 juveniles have one parent in the 1st fragment, being the other parent from nearby plant or population, and 31 juveniles have none of the parents from the 1st site. Our hypothesis is that animals carried seeds from another fragments into the 2nd site, which can be a feeding/nesting site. Such forest fragments play an important role for species genetic resource conservation despite all adversities caused by anthropogenic effects.

CARACTERÍSTICAS DEL PAISAJE Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Podocarpus lambertii*, UNA ESPECIE AMENAZADA

Bernardi AP^{1,2}, JZ Silva^{1,2}, T Montagna^{1,2}, F Steiner², VH Buzzi², MS Reis^{1,2}. ¹Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina. ²Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais-NPFT.

e-mail: bernardialison@gmail.com

Podocarpus lambertii Klotzch ex Endl. (Podocarpaceae) es una conífera nativa, dioica, característica en la Selva Ombrófila Mixta. Informaciones ecológicas y genéticas de la especie son escasas y el paisaje donde la misma se encuentra está muy fragmentado. El objetivo del estudio fue evaluar las asociaciones de características del paisaje y índices de diversidad genética de poblaciones de *P. lambertii*. El estudio fue conducido en 12 poblaciones de la especie. Fueran utilizadas 16 métricas de clase que detallan las características del área, bordes, forma, división y proximidad de las áreas y ocho métricas de mancha que detallan las características del fragmento, más nueve indicadores de diversidad genética (*Alelos*, P , \hat{A} , \hat{A}_p , \hat{H}_E , \hat{H}_O , f , *Raros*, *Exclusivos*). Se utilizó el análisis de componentes principales (PCA) para evaluar la asociación entre la diversidad genética y las métricas de clase y mancha. Las poblaciones presentan en promedio bajas heterocigosidades esperada y observada, altos índices de fijación y fuerte estructuración. Los PCA indican que la diversidad genética de *P. lambertii* es mayor cuando existen retallos en el paisaje, cercanos y de formato irregular, bien como la diversidad genética de la especie es menor en ambientes con mayores áreas y áreas-núcleo. Los resultados combinados sugieren que la fragmentación en las áreas puede no haber afectado genéticamente a estas poblaciones o que no hubo tiempo suficiente (generaciones) para que se pueda capturar los efectos del proceso de explotación. Apoyo: FAPESC-IFF/SC, CAPES, CNPq.

ANÁLISIS GENÉTICO DE TRES ESPECIES AMERICANAS DE *Acacia* USANDO MARCADORES AFLP

Pometti C¹, JC Vilardi¹, BO Saidman¹. ¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.
e-mail: cpometti@ege.fcen.uba.ar

Las especies *Acacia caven*, *A. curvifructa* y *A. farnesiana*, pertenecen al subgénero *Acacia*. La relación entre éstas es controversial ya que varios autores observaron una gran similitud en caracteres morfológicos y bioquímicos. En este estudio, se analizó la efectividad de cuatro combinaciones de cebadores de AFLP para la diferenciación genética entre y dentro de 9 poblaciones de las especies mencionadas anteriormente. Las cuatro combinaciones de cebadores revelaron un total de 228 bandas en 154 individuos. La utilidad de los cuatro cebadores se evaluó por medio del criterio de información polimórfica (PIC), el índice de marcador (MI) y el poder de resolución (RP). El PIC obtenido fue similar para las 4 combinaciones ($\sim 0,36$). El rango de MI fue de 17,39 a 27,38 y el de RP, fue de 30,70 a 59,50. Además, RP mostró una correlación significativa con PIC ($r=0,98$; $P=0,02$), pero ninguno de estos mostró correlación con MI. Los valores de estos tres índices pueden ser considerados relativamente altos, indicando su efectividad para discriminar individuos de diferentes poblaciones y variedades/especies. La diferenciación genética fue analizada mediante un AMOVA jerarquizado y mostró que la mayor parte de la variabilidad genética estaba contenida dentro de las poblaciones (59%). El componente de la varianza entre especies fue de 16,1% y entre poblaciones dentro de cada especie fue de 24,9%. Los tres componentes fueron altamente significativos. La diferenciación entre poblaciones fue alta $\Phi_{ST}=0,41$. Todos los resultados en conjunto, apoyan la existencia de tres especies individuales.

DIVERSIDAD GENÉTICA EN ESPECIES VEGETALES DEL MONTE PATAGÓNICO: EFECTOS DEL PASTOREO

Tadey M¹, CP Souto². ¹Lab. Ecotono-CONICET. ²Lab. Ecotono-INIBIOMA-CONICET.
e-mail: mtadey@conicet.gov.ar

La introducción de ganado en áreas naturales causa empobrecimiento del hábitat. La capacidad de las especies para adaptarse a ambientes sometidos a disturbios, como el pastoreo, depende de la existencia de variabilidad genética. El ganado puede reducir los tamaños poblacionales de las especies consumidas. Sin embargo, se desconoce como actúa el ganado sobre el acervo genético de estas especies. Este trabajo analiza el efecto del ganado sobre los niveles de variabilidad genética de *Larrea cuneifolia* y *Larrea divaricata* (jarillas) a lo largo de un gradiente de pastoreo, hipotetizando que el ganado al consumir y/o matar individuos de una población disminuye su variabilidad genética. Se muestrearon 30 individuos en 10 campos con creciente carga ganadera pero que comparten el mismo ambiente. Mediante electroforesis isoenzimática se obtuvieron 9 enzimas (14 loci), se calcularon niveles de endogamia, divergencia genética y parámetros estándar de variación genética poblacional. La variabilidad genética de las jarillas disminuye a medida que aumenta la carga ganadera. El ganado también afecta la estructura genética de estas especies generando estructuras familiares a menor distancia en los campos más pastoreados. La variabilidad genética es erosionada a través de la deriva génica y depresión por endogamia, reduciendo el potencial adaptativo de las especies afectadas. Estos resultados indicarían que las presiones selectivas de pastoreo pueden incrementar el riesgo de desertificación del Monte a través del empobrecimiento genético a escala comunitaria.

ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL DE *Araucaria angustifolia* (BERTOL.) O. KUNTZE EN SANTA CATARINA, BRASIL

Cristofolini C¹, W Vieira¹, AA Zechini¹, F Steiner¹, T Montagna¹, VH Buzzi¹, AG Mattos¹, S Filippou¹, A Mantovani², MS Reis¹. ¹NPFT-UFSC. ²CAV-UDESC.

e-mail: carol.cristofolini@gmail.com

En el inicio del siglo XX aproximadamente 35% de la cobertura vegetal de los tres Estados del Sur de Brasil estaban representados por los bosques de *Araucaria*. Actualmente se estima que los remanentes de este bosque no sobrepasan 5%. Gran parte de las poblaciones naturales de *Araucaria angustifolia* fueron devastadas para la explotación de madera y hoy la especie es considerada “críticamente amenazada” por la IUCN. Se estudió la diversidad y estructura genética de una población de *A. angustifolia* con fuerte histórico de exploración en una Unidad de Conservación del Estado de Santa Catarina, con el propósito de generar informaciones para proponer estrategias de conservación y uso de la especie. Todos los individuos adultos (272) fueron recolectados en una parcela de 2,72 ha en la Floresta Nacional de Três Barras y genotipadas utilizando nueve marcadores microsatélites. La población presentó alta diversidad genética (0,62), sin embargo alta y significativa estructuración genética, sugiriendo parentesco entre los individuos distanciados hasta 63 m. Este resultado puede ser reflejo de la fuerte explotación maderera que ocurrió en el sitio de estudio. Por lo tanto, para trazar estrategias eficientes de conservación y uso de la especie en el área, es necesaria la evaluación de generaciones más recientes para verificar si esta estructuración se mantiene o si el flujo génico fue eficiente en revertir esta situación. Apoyo: CAPES, CNPq, FAPESC/PRONEX.

GENÉTICA DEL PAISAJE EN POBLACIONES NATURALES DE *Prosopis alba* (LEGUMINOSAE, MIMOSOIDEA)

Roser LG¹, LI Ferreyra¹, M Ewens¹, BO Saidman¹, JC Vilardi¹. ¹IEGEB-CONICET. Dpto. EGE, FCEN-UBA.

e-mail: learoser@gmail.com

Prosopis alba es una importante especie forestal que habita el Noroeste argentino. En épocas recientes, las poblaciones de esta especie se vieron reducidas debido al avance de la frontera agrícola. En particular, la provincia de Santiago del Estero ha sufrido una alta deforestación en la última década. Se estudiaron 5 loci microsatélites en 108 individuos distribuidos en la zona de irrigación del río Dulce. Todos los loci fueron polimórficos, con un rango de 5 a 6 alelos por locus y con un total de 27 alelos. El análisis de AMOVA considerando los 5 sitios de muestreo como poblaciones, indica que el 2,24% de la varianza se encuentra entre las mismas ($F_{st}=0,016$). Con el programa *STRUCTURE* no se detecta estructuración, sin embargo el análisis con *Geneland* reconoce dos grupos ($F_{st}=0,022$). Un AMOVA teniendo en cuenta estas categorías, resultó altamente significativo, indicando que la varianza entre los grupos representa un 3,94% de la varianza total. Este estudio indicaría una diferenciación incipiente, posiblemente mediada por la barrera representada por el río Dulce. El proceso de fragmentación actual es difícil de observar, debido al largo período generacional de las especies forestales y la ocurrencia de repoblamiento mediados por actividad antrópica.

PRESENCIA ESPORÁDICA DE CMS-PET1 DE GIRASOL EN POBLACIONES NATURALES DE *Helianthus* EN ARGENTINA

Mondon A¹, A Garayalde¹, M Cantamutto^{1,2}, M Poverene^{1,2}. ¹CERZOS-CONICET. ²Dpto. de Agronomía, U.N.S.

e-mail: almondon@criba.edu.ar

En varias localidades de las provincias de Buenos Aires, La Pampa y San Luis existen zonas híbridas con poblaciones naturales integradas por individuos de *Helianthus annuus* (ANN) y *H. petiolaris* (PET), en las que aparecen en forma recurrente individuos con morfología intermedia entre las dos especies (FDT). Para explorar la introgresión del girasol en esas zonas híbridas se amplificaron mediante PCR dos genes mitocondriales (coxIII y orfH522) asociados a CMS-PET1, la fuente de androesterilidad de los híbridos de girasol. Los productos de PCR se resolvieron en geles de agarosa y se incluyeron como testigos las líneas puras HA89A, A10 (androestériles) y HA89B (androfértil). El gen mitocondrial orfH522 se presentó, producto de amplificación, solamente en los ejemplares ANN de uno de los cuatro sitios analizados. Estos resultados representan un indicio sobre el posible origen exo-feral de algunas plantas de las poblaciones naturales de ANN de Argentina, dada la presencia de la banda de los híbridos comerciales de girasol. En otras accesiones, correspondientes a poblaciones naturales donde existe flujo génico entre ambas especies, los individuos no derivarían de plantas de girasol con CMS-PET1.

EFFECTO DE LA ACLIMATACIÓN EN LA TOLERANCIA AL FRÍO DE POBLACIONES ARGENTINAS DE *Helianthus petiolaris*

Gutierrez A¹, M Poverene^{1,2}, M Cantamutto^{1,2}. ¹CERZOS-CONICET. ²Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur.

e-mail: aguti@criba.edu.ar

La aclimatación puede afectar el grado de tolerancia de las plantas a bajas temperaturas, que es uno de los estreses abióticos más nocivos. Se analizaron seis accesiones de poblaciones naturales de *H. petiolaris* generadas a partir de plantas nacidas temprano a la salida del invierno, que podrían contar con tolerancia a bajas temperaturas durante la implantación. Se realizaron dos tratamientos en cámara de crecimiento e invernáculo bajo condiciones controladas de temperatura, humedad y luz: 1) plantas con aclimatación al frío y período de heladas y 2) plantas sin aclimatación al frío y período de heladas. Como controles se utilizaron los mismos biotipos crecidos en invernáculo. Se evaluó crecimiento, contenido de clorofila y electrolitos al fin de cada tratamiento y luego de siete días de recuperación en invernadero. Los resultados mostraron que las bajas temperaturas afectaron a todos los rasgos estudiados. El contenido de electrolitos arrojó diferencias significativas entre las accesiones, siendo Colonia Barón la que mostró mejor recuperación luego del estrés por frío. Por otro lado, Carhué y Quenumá fueron poco afectadas pero no tuvieron una recuperación significativa. Se concluye que la accesión de Colonia Barón puede considerarse un recurso genético potencialmente útil para la mejora por tolerancia a frío en etapas iniciales del girasol.

SELECCIÓN MEDIADA POR AVES EN UNA PROGENIE ENTRE GIRASOL CULTIVADO Y *Helianthus annuus* RUDERAL

Presotto A^{1,2}, L Zubiaga³, M Cantamutto^{1,2}. ¹Dpto. Agronomía (UNS). ²CONICET-Bahía Blanca. ³EEA INTA Hilario Ascasubi.

e-mail: apresotto@uns.edu.ar

Las poblaciones ruderales de *H. annuus* (ANN) de Argentina habitan en áreas próximas a cultivos de girasol, donde ocasionalmente aparecen híbridos entre ambos biotipos. Sin embargo, algunos caracteres del cultivo confieren una desventaja adaptativa a las progenies por lo que serían rápidamente eliminados durante la selección. Uno de los agentes que participan en la selección son las aves granívoras, al seleccionar semillas para alimentarse. El objetivo fue evaluar el efecto de dos ciclos de selección por aves sobre la morfología de una progenie entre girasol (DK3880) y una accesión de ANN. Las plantas fueron criadas en el campo experimental y expuestas a predación por aves durante dos ciclos sucesivos. Como control, un grupo de plantas fueron protegidas de la actividad de las aves tapando los capítulos antes de la antesis. Los parámetros morfológicos de semilla y plantas de la tercera generación se analizaron mediante ANOVA, índice híbrido y análisis multivariado. La progenie seleccionada presentó semillas, con menor peso, ancho y espesor que la progenie sin selección. Sus plantas presentaron 5/15 caracteres métricos que no se diferenciaron del ANN, mientras que la progenie sin selección solo compartió 2/15. El índice híbrido también mostró mayor proporción de caracteres de ANN en la descendencia seleccionada por las aves. En conclusión, las aves contribuirían a eliminar aquellos rasgos del cultivo ligados a un costo adaptativo en progenies entre girasol y poblaciones ruderales de la misma especie.

FENOTIPADO DE INDIVIDUOS *Brassica rapa* EXPUESTOS A FLUJO GÉNICO DE COLZA IMI-RESISTENTE

Torres Carbonell F¹, MS Ureta^{1,2}, C Pandolfo¹, MA Cantamutto^{1,2}, M Poverene^{1,2}. ¹Universidad Nacional del Sur. ²CERZOS-CONICET.

e-mail: msureta@uns.edu.ar

Brassica rapa (nabo, maleza) es una especie sexualmente compatible con la colza-canola (*B. napus*), cuyos híbridos pueden retrocruzarse con la maleza. Luego de dos generaciones de retrocruza, las plantas serían morfológicamente indistinguibles de *B. rapa*, por lo que los genes del cultivo podrían persistir en forma encubierta en las poblaciones de la maleza. El objetivo fue comparar métodos diferentes de detección de híbridos entre la especie silvestre y el cultivo de colza. Se estudiaron 1024 descendientes de una población de *B. rapa* en floración lindante con un cultivo de colza resistente a herbicida imidazolinona observada en Balcarce. Sin pulverizar, la progenie presentó 61 plantas fuera de tipo (FT) con caracteres morfológicos del cultivo. Por otro lado se aplicó Imazetapir a doble dosis comercial a una muestra de 896 plantas descendientes de la misma población. Los sobrevivientes fueron analizadas por citometría de flujo confirmando como híbridas 11 de 16 plantas analizadas. Algunos rasgos morfológicos fueron similares entre las plantas FT pulverizadas y sin pulverizar. Las plantas FT pulverizadas se asemejaron al cultivo de colza. Los resultados demostraron la factibilidad de distinguir fenotípicamente a las plantas con genes de resistencia a herbicidas imidazolinonas entre los descendientes de cruzamientos maleza-cultivo.

PERSISTENCIA DE LA RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS EN POBLACIONES SILVESTRES DE *Brassica* Y *Raphanus*

Ureta MS^{1,2}, M Hernandez¹, C Pandolfo², MA Cantamutto^{1,2}, M Poverene^{1,2}. ¹Universidad Nacional del Sur. ²CERZOS-CONICET. e-mail: mario.s.hernandez@hotmail.com

Las variedades de colza resistentes a herbicidas que se siembran en Argentina, llevaron al estudio del impacto que podría tener esta tecnología sobre las especies silvestres emparentadas, que son malezas en la región pampeana. El objetivo fue estimar la persistencia de la resistencia a imidazolinonas (IMI) en poblaciones, inicialmente susceptibles, emparentadas con *Brassica napus* y *Raphanus sativus* resistentes. Previamente se realizó un ensayo en condiciones controladas de polinización libre entre una variedad de colza y una accesión de *R. sativus* IMI resistentes y accesiones susceptibles de *B. rapa* (BR), *B. juncea* (BJ) y *R. sativus* (RS), obteniéndose una primera generación resistente al herbicida (G1). Las semillas de esta descendencia se colocaron nuevamente en macetas (80 plantas por cada genotipo) en una jaula de malla de exclusión de insectos junto con 80 plantas de *B. napus* IMI resistente para obtener la G2. Las semillas cosechadas fueron sembradas en bandejas plásticas y pulverizadas con el herbicida imazetapir 2X la dosis recomendada en estadio de 4 hojas. El total de plantas resistentes en la segunda generación (G2) para cada especie fue superior al encontrado en la generación anterior (G1): BR (G1:0,1% vs. G2:3,4%), RS (G1:2,6% vs. G2:14,47%), BJ (G1:0% vs. G2:1,05%). A pesar del número bajo de individuos resistentes obtenidos en la primera generación, la resistencia al herbicida aumentó en forma significativa en la generación siguiente. Los resultados aquí obtenidos muestran una rápida introgresión de la tolerancia a herbicidas IMI en las malezas *Brassicaceas*.

TRANSFERENCIA DE MARCADORES MICROSATÉLITES DE DIFERENTES ESPECIES DE POACEAS A *Festuca pallescens*

López AS^{1,2}, GL Siffredi¹, DR López¹, P Marchelli^{1,2}. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. e-mail: lopez.aldana@inta.gob.ar

Festuca pallescens es una forrajera nativa de gran interés productivo cuya distribución abarca una gran diversidad de ambientes y distintas áreas ecológicas en Patagonia. El objetivo de este trabajo fue obtener un conjunto de marcadores moleculares hipervariables del tipo microsatélites (SSRs y EST-SSRs) para ser usados en estudios de genética poblacional en *Festuca pallescens*. Se realizó una selección de 20 SSRs desarrollados en distintas especies de *Festuca*, *Triticum*, *Poa*, *Lolium* y *Fetullium* las cuáles están filogenéticamente relacionadas con *F. pallescens*. Se buscaron tanto microsatélites de secuencias codificantes (EST) como no codificantes. Para una detección preliminar de polimorfismo, se seleccionaron 8 individuos de poblaciones distantes a lo largo de una transecta O-E siguiendo un gradiente pluviométrico decreciente en Patagonia Norte. Se extrajo ADN de hojas, se probó la amplificación de los microsatélites con diferentes condiciones de PCR y se verificó en geles de agarosa 2,5 %. Los productos de amplificación fueron analizados en un secuenciador capilar. Trece de los 20 microsatélites amplificaron exitosamente registrándose entre 2 y 11 alelos por locus. La elevada tasa de transferencia estaría relacionada con la cercanía filogenética dentro de las Poaceas y es de esperar que se encuentren más alelos cuando se amplíe el número de individuos. Estos marcadores constituyen una herramienta de gran utilidad para estudios genéticos y ya están siendo utilizados para analizar la variación genética de la especie a lo largo de un gradiente de precipitaciones.

NIVELES DE PLOIDÍA EN POBLACIONES NATURALES DE ESPECIES SEXUALES Y APOMÍCTICAS DEL GÉNERO *Paspalum*

Schedler M¹, AL Zilli¹, CA Acuña¹, AI Honfi², EJ Martínez¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Corrientes. ²Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNaM, Misiones.

e-mail: schedlermara@gmail.com

El conocimiento de la diversidad genética de nuestros recursos naturales es de vital importancia para lograr su conservación y uso sustentable. El objetivo del trabajo fue la obtención y determinación del nivel de ploidía de poblaciones naturales de 4 especies poliploides sexuales y una especie apomíctica de *Paspalum*. *P. durifolium* y *P. ionanthum* son de reproducción sexual y autoestériles, *P. regnellii* y *P. urvillei* son sexuales y autofértiles y *P. intermedium* es sexual y apomíctico. El muestreo consistió en la colecta de 5 poblaciones, en transectas de 200 metros, de 20 individuos para cada una de las especies sexuales y 7 poblaciones para la especie apomíctica. El nivel de ploidía se determinó mediante citometría de flujo, y luego fueron ubicados en mapas georeferenciados, a través del programa Diva-Gis. Todas las poblaciones de *P. regnellii* fueron colectadas en la provincia de Misiones; mientras que las poblaciones de *P. ionanthum* y *P. durifolium* fueron obtenidas en la provincia de Corrientes. Las poblaciones de *P. urvillei* fueron obtenidas en Corrientes, Chaco, Entre Ríos, Misiones y Santa Fe. Todos los individuos de las poblaciones de *P. durifolium*, *P. ionanthum*, *P. regnellii* y *P. urvillei* resultaron tetraploides ($2n=4x=40$). Por último, dos poblaciones de *P. intermedium* resultaron diploides ($2n=2x=20$), una de Corrientes y otra de Formosa; tres fueron tetraploides puras, dos de Corrientes y una de Santa Fe; y las dos restantes, resultaron 4x mixtas, una de Entre Ríos con un individuo 2x y otro 3x, y una de Santa Fe con una planta 2x.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES ARGENTINAS DE MANZANO SILVESTRE (*Malus* sp.) CON MARCADORES SSR

Calvo P¹, A Carrera², MM Poverene². ¹INTA-EEA Alto Valle.

²Departamento de Agronomía UNS y CERZOS-CCT Bahía Blanca (8000).

e-mail: calvo.paula@inta.gob.ar

Se estudió la variabilidad de 23 poblaciones de manzanos silvestres colectadas en la cordillera andina. El estudio incluyó 105 individuos silvestres y 4 variedades cultivadas que representan la mayor parte del germoplasma bajo cultivo comercial. Se encontró un total de 46 alelos utilizando 10 iniciadores SSRs. Se obtuvieron valores promedio de diversidad: 2,3 alelos; 91% de polimorfismo; 0,49 para la heterocigosis insesgada de Nei y 0,56 para la heterocigosis observada. En todos los parámetros de diversidad el grupo de variedades cultivadas obtuvo los valores más elevados. Los valores de diversidad obtenidos en las poblaciones silvestres son menores a los reportados para la especie en estudios similares, lo que indicaría la presencia de un efecto fundador. El análisis de varianza molecular mostró el 66% de la variación genética dentro de las poblaciones. No se evidenció una fuerte estructuración, sin embargo, los valores hallados son mayores que los esperados para la especie, lo que podría indicar un incipiente proceso de fragmentación. Se encontró ausencia de correlación entre las distancias genéticas y las geográficas ($r=0,11$) lo que indica que no hay diferenciación por distancia entre los individuos. Los análisis de agrupamiento y de coordenadas principales a partir de las distancias genéticas ubicaron al grupo de variedades cultivadas diferenciado de los silvestres. El estudio revela que las poblaciones de manzanos de cordillera se originaron a partir de la introducción de pocos individuos y que el germoplasma colectado se diferencia de los cultivares comerciales.

EVIDENCIA DE RECOMBINACIÓN EN EL GEN DE LA CÁPSIDE PROTEICA DE *GARLIC COMMON LATENT VIRUS*

Celli MG¹, AK Torrico¹, MC Perotto^{1,2}, VC Conci^{1,2}. ¹Instituto de Patología Vegetal (IPAVE) INTA; Camino. 60 cuadradas Km 5,5 (5119) Córdoba, Argentina. ²CONICET.
e-mail: concivilma@inta.gob.ar

En diversos países existen registros de infección de plantas de ajo por *Garlic common latent virus* (GarCLV). Se conoce la existencia de dos subgrupos filogenéticos, pero los eventos de recombinación intraespecies no han sido investigados suficientemente hasta la fecha. En este estudio se propuso detectar posibles recombinaciones, el mayor y menor parentesco y la localización de los puntos de quiebre en el gen que codifica la cápside proteica (CP) que contiene aprox. 960 nucleótidos (nt). Para el análisis, fue utilizando el programa RDP4 v.4.22 con los métodos RDP, GENECONV, Chimera, MaxChi, BootScan, SISCAN y 3Seq con múltiple comparación y valor de $P < 0,01$. Los eventos de recombinación fueron considerados significativo cuando detectados por tres o más métodos y con evidencia filogenética. Con base en el conjunto de datos disponible (49 secuencias), el análisis en RDP4 mostró siete posibles eventos de recombinación, de los cuales cinco de Polonia fueron considerados significativos por mostrar evidencia filogenética. Cuatro recombinantes mostraron mayor parentesco con aislamientos de Polonia (KF862692 y KF862695) y menor parentesco en la región N-terminal con un aislamiento de Australia (JQ899445) y que pertenece a otro grupo filogenético. El último recombinante mostró mayor y menor parentesco con dos secuencias también de Polonia. El análisis de la CP de los 49 aislamientos de GarCLV indicaron la existencia de 5 secuencias recombinantes, todas de Polonia. Financiamiento: INTA y CONICET.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Cordia verbenacea* DC. EN RESTINGA, BRASIL

Hoeltgebaum MP¹, AP Bernardi¹, T Montagna¹, MS Reis¹. ¹Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Dep. de Fitotecnia, Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais-Brasil.
e-mail: mphmarcia@gmail.com

Cordia verbenacea DC. es una especie nativa de la restinga en la Floresta Atlántica en todo Brasil y presenta relevantes propiedades medicinales. Es explotada por comunidades locales y por la industria farmacéutica, sin embargo necesita de informaciones genéticas. Por lo tanto, el objetivo del estudio fue caracterizar la diversidad y estructura genética de tres poblaciones de *C. verbenacea* de Santa Catarina, Brasil. Fueron recolectadas hojas de 50 individuos adultos en cada una de las tres áreas de estudio y las frecuencias alélicas de las poblaciones fueron obtenidas desde 14 locus isoenzimáticos. Fueron encontrados 25 alelos distintos en las tres poblaciones, siendo dos alelos exclusivos y cinco alelos raros. La P fue de 41% y el \bar{A} de 1,57, en promedio. Las poblaciones presentaron diversidad genética promedio de 0,111 y un F promedio de -0,06 (desde -0,273 hasta 0,222). Los índices de fijación fueron todos significativos y discrepantes entre las poblaciones, siendo que dos de ellas presentaron exceso de heterocigotos. La divergencia interpoblacional (F_{ST}) fue significativa e igual a 0,079, es considerada moderada y sugiere efectos de subdivisión poblacional. Los altos índices de fijación y la moderada divergencia encontrada entre las poblaciones analizadas apuntan la necesidad de conservación de los fragmentos urbanos pequeños y antropizados. Apoyo: CNPq, CAPES, FAPESC/PRONEX.

ESTUDIO EVOLUTIVO DE PLANTAS HOLOPARÁSITAS DEL GÉNERO *Lophophytum* (BALANOPHORACEAE)

Ceriotti LF¹, J Wohlfeiler¹, MV Sanchez-Puerta¹. ¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM-CONICET), FCA y FCEN, U.N. Cuyo. e-mail: ceriotti.fede@gmail.com

La familia Balanophoraceae comprende 17 géneros con 44 especies de plantas aclorófitas, holoparásitas de raíces. Existen grandes desafíos en su clasificación debido a la escasez de caracteres morfológicos, producto de la extrema reducción de la morfología floral y vegetativa y a la alta divergencia en la secuencia de sus genes. Según estudios morfológicos previos, el género *Lophophytum* pertenecería a la familia Balanophoraceae. Sin embargo, ninguna especie del género ha sido analizada molecularmente y por lo tanto no hay análisis filogenéticos que evalúen dicha hipótesis taxonómica ni sus relaciones evolutivas dentro de la familia. En este trabajo, se estudiaron dos especies de *Lophophytum*, *L. leandrii* y *L. mirabile*, parásitas de angiospermas leguminosas. Para ello se utilizaron seis marcadores moleculares, ubicados en los genomas nucleares y mitocondriales (*cox1*, *atp1*, *atp8*, *cob*, *matR* y SSU rRNA) y se realizaron análisis filogenéticos con cada uno. A partir de dichos análisis, se confirmó la afiliación de *Lophophytum* con la familia Balanophoraceae y en particular con los géneros *Ombrophytum* y *Scybalium*. Se observó también que sus genes habrían sufrido un aumento en la tasa de sustitución desde la transición al parasitismo. Las filogenias de algunos genes mitocondriales mostraron relación entre *Lophophytum* y la familia Fabaceae. Este resultado sugiere que dichos genes podrían ser producto de la transferencia génica horizontal en sentido hospedador-parásito.

CARACTERÍSTICAS DEL PAISAJE Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Dicksonia sellowiana*, UNA ESPECIE AMENAZADA

Silva JZ^{1,2}, T Montagna^{1,2}, AP Bernardi^{1,2}, F Steiner², VH Buzzi^{2,3}, NG Andrade³, MS Reis^{1,2}. ¹Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina. ²Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais/Universidade Federal de Santa Catarina. ³Faculdade de Agronomia/Universidade Federal de Santa Catarina. e-mail: jzagos@yahoo.com.br

Dicksonia sellowiana (Presl.) Hooker, popularmente conocida como *xaxim*, fue una especie muy explotada en Brasil, debido a su tallo, usado en la producción de vasos y sustratos. La especie está presente en América Latina desde el sur de México hasta el Uruguay, desarrollándose preferentemente en zonas húmedas y frías. A fin de fundamentar acciones para la conservación, este estudio relacionó la influencia de las características del paisaje sobre la diversidad genética de poblaciones de la especie, empleando el análisis de componentes principales. El estudio fue conducido con 10 poblaciones (dos categorías en cada población: jóvenes y adultos). Se utilizaron 16 métricas de clase para caracterizar la región alrededor de cada fragmento y ocho métricas de mancha para caracterizar el fragmento donde se inserta cada población, además de nueve indicadores de diversidad genética. Las poblaciones mostraron valores moderados de heterocigosidad, bajos índices de fijación y baja estructuración. Los resultados indican que para plantas adultas el mayor número de alelos está relacionado con el mayor número y tamaño de las áreas forestales próximas y menor distancia entre ellas. Los mayores valores de H_E y f , están positivamente relacionados con el área núcleo de los fragmentos. Para las plantas jóvenes, el mayor número de alelos se relacionó con la mayor presencia de manchas de reforestación y cuerpos de agua. Los mayores valores de P y los menores valores de f se relacionarán a fragmentos con mayores áreas núcleo. Apoyo: FAPESC-IFF/SC, CAPES, CNPq.

EVALUATION OF GENETIC AND FORENSIC PARAMETERS OF 16 AUTOSOMAL AND 12 X CHR STRS IN SC, BRAZIL

Torres SRR^{1,2}, CJS Uehara^{1,2,3}, AFS Latorre¹, BS Almeida¹, TS Sauerbier^{1,2}, SJ Reis¹, L Nascimento¹, MP Soler⁴, YCN Muniz¹, AR Marrero¹, IR Souza¹. ¹Universidade Federal de Santa Catarina, UFSC, Florianópolis, SC. ²Instituto Geral de Perícias de Santa Catarina, Florianópolis-SC, Brazil. ³Departamento de Genética da Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR, Brazil. ⁴QIAGEN Biotecnologia, São Paulo-SP, Brazil. e-mail: saulo.jose.dos.reis@gmail.com

The genetic variability of unrelated individuals representing the population of Santa Catarina was characterized, on the basis of polymorphism for STR markers. We analyzed twelve autosomal STR loci included in the Investigator HDplex Kit[®] (n=106), five autosomal miniSTR loci included in the Investigator Hexaplex ESS Kit[®] (n=107) and twelve X-chromosomal STR markers included in the Investigator Argus X-12 Kit[®] n=153 (60 female and 93 male). Hardy-Weinberg equilibrium test demonstrated no significant deviation from expected values (p>0.05) for the sixteen autosomal STRs included in the Investigator HDplexTM and Hexaplex ESS Kit[®], with the exception of DXS10135 and DXS1079 in the Investigator Argus X-12 Kit[®]. Allelic frequencies and other statistics with forensic relevancy were calculated for each STR and X-STR. Diversity values of the haplotypes were constructed using four closely linked groups and all were higher than 0.9977. High overall power of discrimination was obtained for female and male samples, and high probability of exclusion was observed in father/mother/daughter trios and father/daughter duos. A comparative analysis between data of our population and other populations is also presented. To our knowledge, this is the first Brazilian report regarding frequencies for nine of the STRs HDplexTM Kit[®] and four haplotypes of Investigator Argus X-12 Kit[®].

CONSUMO DE ALCOHOL Y VARIANTES GENÉTICAS DE TOLERANCIA AL ALCOHOL EN POBLACIÓN DE SANTIAGO DE CHILE

Silva Gallardo C¹, S Flores Carrasco¹. ¹Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile. e-mail: silvagallardoc@gmail.com

Se han descrito variantes genéticas involucradas en la metabolización ineficiente (*ADH1B2*2* y *ALDH2-2*) o eficiente del etanol (SNP6 del gen *ADH4*), las cuales otorgan al individuo menor o mayor grado de susceptibilidad al alcoholismo. A éstos se les ha denominado “fenotipos protectores” o de “riesgo-dependencia” al alcohol, respectivamente. Aquí se indaga sobre la posible correlación entre variantes genéticas de protección y riesgo-dependencia con patrones de consumo de alcohol entre individuos. Como resultado, no fue posible establecer las variantes genéticas que estarían determinando los patrones de consumo de alcohol. No obstante, tanto el alelo de riesgo como el fenotipo riesgoso para el marcador *ADH4* (rs1800759) presentan porcentajes mayores a los reportados en otras regiones de América por el proyecto 1000Genomes. Para ambos casos existe una diferencia significativa entre la frecuencia presente en ambos grupos para este alelo (p-valor=0,005) y fenotipo (p-valor=0,03), siendo mayor en la muestra de población chilena. Se puede concluir que Chile presentaría un mayor riesgo de dependencia al alcohol dado por el factor genético. Esto presentaría mayor relevancia en individuos con patrones de consumo de alcohol calificados como perjudiciales o de dependencia. Se discute la ausencia de asociación entre patrones de consumo y frecuencias genotípicas para estos *loci*. Además, en este estudio se identificaron nuevas categorías de consumo de alcohol no incluidas en la encuesta AUDIT.

MESTIZAJE EN LA PATAGONIA ARGENTINA: DIVERSIDAD GENÉTICA Y POBLAMIENTO DE TRELEW (PROV. CHUBUT)

Parolin ML¹, NG Basso¹, SA Avena², F Di Fabio Rocca², CM Tedeschi³, M Regnano³, FR Carnese². ¹Unidad de Diversidad, Sistemática y Evolución, Laboratorio de Biología Molecular, Centro Nacional Patagónico-CONICET. ²Sección Antropología Biológica, ICA, Facultad de Filosofía y Letras, UBA. ³Hospital Zonal de Trelew.

e-mail: parolin@cenpat.edu.ar

Este trabajo forma parte de un proyecto general que intenta abordar el estudio de la diversidad genética y mestizaje en las poblaciones cosmopolitas de la Patagonia Argentina, con especial enfoque en el análisis de particularidades locales y regionales. En este marco se presentan los resultados obtenidos en una muestra poblacional de la localidad de Trelew (TW, n=106) a nivel de marcadores genéticos de herencia uniparental y biparental. A partir de los datos proporcionados por las secuencias mitocondriales se registró una contribución amerindia del 51%, con una prevalencia del sub-haplogrupo C1b (23%) y ausencia del linaje A. El aporte materno euroasiático fue del 48% con una mayor frecuencia de los haplogrupos H y U5b (24%) y un solo perfil presento linaje subsahariano L1c4. Mediante el análisis de 12 marcadores STRs del cromosoma Y, se asignó a un origen euroasiático el 74% de haplotipos obtenidos, con elevada frecuencia de R1b (49%). Por su parte el aporte paterno autóctono Q1a3a fue del 14% y se estimó un 2% de contribución subsahariana. A nivel de marcadores biparentales, se obtuvo un 3% del sistema Di*A, característico en grupos nativos y solo un 1,7% de Fy*null indicando una escasa presencia africana. Estos resultados se correlacionan con la información genealógica de los donantes, y son discutidos con los datos histórico-demográficos y con los resultados obtenidos previamente en la Región Patagónica y resto del país..

CARACTERIZACIÓN DE LOS BOVINOS CRIOLLOS DE ARGENTINA Y BOLIVIA MEDIANTE UN PANEL DE 95 SNPS

Liron JP¹, A Rogberg Muñoz¹, A Loza², ME Fernandez¹, DE Goszczynski¹, JA Pereira Rico², P Peral Garcia¹, G Giovambattista. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT La Plata-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. ²Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Autónoma Gabriel René Moreno, Santa Cruz de la Sierra, Bolivia.

e-mail: peralgarciapilar@gmail.com

En Argentina y Bolivia, así como en la mayoría de los países de América, se conservan poblaciones de bovinos criollos, descendientes de los animales introducidos por los conquistadores durante los siglos XVI y XVII. Con el fin de caracterizar los bovinos criollos de Argentina y Bolivia se analizaron a 5 razas criollas (Criollo Argentino=20, Saavedreño=20, Yacumeño=25, Altiplano=12, Valle Grande=13), 3 taurinas europeas (Angus=28, Hereford=21, Holstein=27) y 3 cebuinas (Brangus=27, Nelore=25, Brahman=27, Gir=20) con un panel de 95 SNPs recomendado por la ISAG. Los marcadores genéticos se tipificaron mediante MALDI-TOF utilizando la plataforma Sequenom. Entre 93 y 95 SNPs resultaron polimórficos en las poblaciones bovinas criollas analizadas, mientras que la heterocigosidad promedio esperada entre 0,405 y 0,461, siendo estos valores similares a los observados en las razas taurinas europeas. El análisis de componentes principales evidenció que el PC1 diferenciaban las razas cebuinas y taurinas, y el PC2 las taurinas europeos de las americanas. La construcción de árboles mostró resultados consistentes con el PCA. Finalmente, el análisis de asignación racial evidenció que con un K4 los bovinos criollos pueden ser discriminados, y que las diferentes poblaciones criollas presentarían distintos niveles de introgresión de genes índicos y taurinos británicos. Estos resultados concuerdan con lo obtenidos para otros tipos de marcadores genéticos y confirman que los bovinos criollos son un valioso recurso zoogenético con características genéticas propias.

GPE 49

TIPIFICACIÓN DE LA MUTACIÓN CAUSAL DE LA ENFERMEDAD DE VON WILLEBRAND TIPO 1 EN DOBERMAN

Crespi JA, LS Barrientos, DM Posik, G Giovambattista. ¹Genética Veterinaria (IGEvet), CCT La Plata-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata.
e-mail: lsb5982@hotmail.com

La enfermedad de von Willebrand (VWD) se caracteriza por un prolongado tiempo de coagulación, debido a una baja concentración y actividad en sangre, o directamente la ausencia, del factor de coagulación von Willebrand. Se trata de la coagulopatía hereditaria de mayor frecuencia encontrada en el perro, y ha sido descrita en 54 razas, y con una alta prevalencia en Doberman. Está causada por mutaciones en el gen von Willebrand (VWF) ubicado en el cromosoma 27 canino. En Doberman, la VWD tipo 1 está determinada por una transversión G/A en la última base del exón 43 del VWF, produciendo un corrimiento en el sitio de corte y empalme y generando una proteína más corta. El objetivo del presente trabajo consistió en diseñar un método de identificación por secuenciación directa (SBT) y calcular la prevalencia de la mutación causal de VWD tipo 1. Los *primers* de amplificación y secuenciación se diseñaron mediante el programa AnnHyb. Se analizaron 10 individuos de una familia de Doberman de la provincia de Buenos Aires y una muestra de 14 individuos no relacionados mediante SBT. Las frecuencias génicas obtenidas dentro de la familia para el alelo normal (G) y para el alelo mutado (A) fueron $p=0,5$ y $q=0,5$, mientras que en el grupo no relacionado las frecuencias obtenidas fueron de $p=0,65$ y $q=0,35$. Estas diferencias en las frecuencias génicas no fueron estadísticamente significativas. Ambos grupos se encontraban en equilibrio de Hardy Weinberg ($P=1$ y $P=0,58$). La alta prevalencia de la mutación causal en la población local coincide con lo previamente reportado en otras regiones.