

## GPE 1

**VARIABILIDAD GENÉTICA DEL GATO (*Felis catus*) MEDIANTE MARCADORES DEL PELAJE EN CARTAGENA, COLOMBIA**

Montes Y.<sup>1</sup>, Y. Cardales<sup>1</sup>, E. Pardo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad de Córdoba.  
E-mail: kikepardoperez@yahoo.com

Se determinó la variabilidad genética del gato doméstico (*Felis catus*) utilizando marcadores del pelaje en las poblaciones de Cartagena, Bolívar-Colombia. Fueron fenotipados un total de 472 gatos mediante observaciones en recorridas por las zonas urbanas en Cartagena, utilizando la nomenclatura recomendada por el *Committe on Standardized Genetic Nomenclatura for Cats*, atendiendo a los marcadores fenotípicos: Orange, Agouti, Tabby, Dilution, Long hair, Spotting White y Dominant White. Se calcularon los parámetros genéticos poblacionales: frecuencia alélica, diversidad genética, flujo génico, equilibrio Hardy-Weinberg y distancia genética y se infirieron las relaciones filogenéticas entre las poblaciones de gatos. Se encontró que el marcador non-agouti fue el de mayor frecuencia mientras los genes Tabby blotched y Dominant White presentaron los valores más bajos. Se reporta la presencia del alelo Tabby abyssinian para Cartagena. La mayor parte de la diversidad genética se encontró dentro de las poblaciones (HS) y poca entre las poblaciones (DST) y un elevado flujo génico; se observó un exceso de heterocigotos a nivel poblacional, no hubo equilibrio Hardy-Weinberg. Las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente, además se evidenció una posible selección natural y artificial de los marcadores Non-agouti y Tabby abyssinian.

## GPE 2

**VARIACIÓN GENÉTICA INTRA E INTER POBLACIONAL DE *Nothofagus alpina* Y *Nothofagus obliqua* EN CARACTERES ADAPTATIVOS DE PLÁNTULAS**

Duboscq V.G.<sup>1,2</sup>, F.J. Letourneau<sup>1</sup>, S. Zuki<sup>2</sup>, M.J. Pastorino<sup>3</sup>.  
<sup>1</sup>INTA EEA Bariloche, Campo Forestal General San Martín, El Bolsón. <sup>2</sup>INTA EEA Bariloche, Unidad de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal, Bariloche. <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).  
E-mail: duboscq.virginia@inta.gob.ar

Conocer los patrones de variación genética de una especie es relevante para su domesticación. Con este fin se estudió la variación genética en caracteres de plántulas de poblaciones naturales argentinas de *Nothofagus alpina* (Na) y *Nothofagus obliqua* (No), dos especies forestales emparentadas de alto potencial productivo. Se estableció un ensayo con 7 poblaciones de Na (600 plantas de 75 familias), y otro con 8 poblaciones de No (648 plantas de 81 familias), ambos en DBCA con 8 bloques. Al completar la primera temporada de crecimiento se midió altura total (AT), diámetro al cuello, largo de raíz (LR), peso seco del tallo y de raíces, y se calculó su cociente. Se realizó un ANOVA con un modelo lineal mixto por especie, con población como factor fijo y familia y bloques como aleatorios. En No, Epulauquen resultó la población con mayor variación intrapoblacional como promedio de las 6 variables, tanto en términos de  $h^2$  (0,37) como de CVA (44,1), mientras que Pilo Lil fue la menos variable ( $h^2=0,03$ ; CVA=5,45). En Na la población más variable fue Tromen ( $h^2=0,98$ ; CVA=44,53), mientras que la menos variable fue Tren Tren ( $h^2=0,04$ ; CVA=4,60). En el promedio de las 6 variables, la diferenciación de las poblaciones resultó moderada tanto para Na (QST=0,21) como para No (QST=0,19), siendo AT la variable más discriminante para Na (QST=0,42) y LR para No (QST=0,39). Estos resultados reflejan la importancia de considerar la procedencia para fines de conservación así como de uso de los acervos genéticos de ambas especies.

## GPE 3

### VARIABILIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DEL MORFOTIPO CHAQUEÑO DE *Turnera sidoides* SUBSP. *Pinnatifida* (PASSIFLORACEAE) EN EL GRAN CHACO

Paredes E.N.<sup>1,2</sup>, E.M.S. Moreno<sup>1,2</sup>, V.G. Solís Neffa<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agrimensura (UNNE).  
E-mail: sariu\_200@hotmail.com

El Gran Chaco es una de las regiones de mayor importancia socio-ambiental de Sudamérica, aunque el cambio de uso de la tierra ha modificado notablemente el paisaje de esta región. A fin de evaluar la relación entre las características del paisaje y el ambiente chaqueño con los patrones de estructuración genética y el impacto de la fragmentación del hábitat y el uso de la tierra en la conectividad funcional de las poblaciones, se analizó la variabilidad y estructura genética de 21 poblaciones del morfotipo chaqueño de *Turnera sidoides* subsp. *pinnatifida* que crecen en diferentes ecorregiones y unidades ambientales del Gran Chaco, empleando marcadores moleculares. Los resultados mostraron que la variabilidad genética está contenida principalmente en las poblaciones, regiones y subregiones. La combinación de la información genética y territorial reveló que la conectividad funcional entre las poblaciones es restringida como resultado de una conectividad estructural limitada. Las barreras al flujo génico detectadas coinciden con los principales ríos, las características topográficas, climáticas y biogeográficas del Gran Chaco. La asociación entre las diferencias genéticas de las poblaciones y las características del paisaje sugiere que la variación genética del morfotipo chaqueño tendría características adaptativas. Algunas poblaciones con mayor variabilidad genética se encontraron en zonas de avance de la frontera agropecuaria y uso productivo potencial, por lo que la fragmentación del hábitat podría afectar las características genéticas y demográficas del morfotipo chaqueño.

## GPE 4

### EVIDENCIAS MORFOMÉTRICAS DE ESTRUCTURACIÓN POBLACIONAL EN LA MOSCA SUDAMERICANA DE LA FRUTA (*Anastrepha fraterculus*)

Gómez Cendra P.V.<sup>1,2</sup>, L.E. Paulin<sup>1,2</sup>, J.C. Vilardi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina.  
E-mail: paugomez@ege.fcen.uba.ar

*Anastrepha fraterculus* es una plaga de frutos distribuida desde el sur de EEUU hasta el centro de Argentina. Para evaluar su estructura poblacional se analizó la variación del fenotipo multivariado mediante un muestreo estratificado en un monte de guayabas en Horco Molle, Tucumán. Se midieron 6 rasgos (Largo de Ala y Tórax y Ancho de Ala, Cabeza y Cara) en 140 moscas emergidas de 27 frutos provenientes de 9 árboles. Se analizaron los componentes de la varianza (CV) para un modelo lineal con factores aleatorios anidados (árboles/frutos/individuos). Se aplicaron 3 métodos estadísticos: análisis univariados usando máxima verosimilitud restringida (1) o cadenas de Markov-Monte Carlo (MCMC); (2) análisis multivariado por MCMC; (3), con los paquetes lme4 y MCMCglmm del programa R. Los análisis 1 y 2 fueron consistentes entre sí e indicaron que los CV más importantes eran individuos de un mismo fruto (64–65 %) y frutos dentro de cada árbol (34–35 %), mientras que la varianza entre árboles (0–0,4 %) no sería significativa. Sin embargo, el análisis multivariado (3) mostró una contribución mayor de la varianza entre árboles (41 %) que las varianzas entre frutos (29 %) y entre individuos (30 %). Las diferencias entre estos resultados se deberían a las covarianzas entre rasgos que no son consideradas en los análisis univariados. Los resultados sugieren que la calidad del fruto y las relaciones de competencia intra e interespecífica por el recurso afectarían el fenotipo multivariado que, a su vez, podría tener consecuencias sobre la aptitud y capacidad de dispersión de los individuos.

## GPE 5

**IDENTIFICACIÓN TAXONÓMICA DE UNA POBLACIÓN DUDOSA DE *Festuca pallescens* A TRAVÉS DE ITS**

López A.S.<sup>1,2</sup>, M.M. Azpilicueta<sup>1</sup>, D.R. López<sup>3</sup>, G.L. Siffredi<sup>1</sup>, P. Marchelli<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. <sup>3</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Forestal Villa Dolores. E-mail: lopez.aldana@inta.gob.ar

*Festuca pallescens* es una especie nativa de gran valor forrajero que se distribuye en diversos ambientes en Patagonia. En principio, con el fin de evaluar la diversidad genética de esta especie a lo largo de un gradiente pluviométrico, se muestrearon 10 poblaciones desde Bariloche hasta la meseta de Somuncurá. Se realizó una caracterización preliminar de la variabilidad genética mediante microsatélites transferidos de otras Poáceas que resultaron polimórficos en esta especie. La mayoría de las poblaciones presentaron patrones similares de variación en los microsatélites y compartieron alelos, aunque una de ellas perteneciente al sitio de Somuncurá se diferenció notablemente del resto. Con el objetivo de identificar taxonómicamente las poblaciones y determinar si las poblaciones de Somuncurá pertenecen a la misma especie, se utilizó la región interna completa del gen nuclear ribosomal 18S-5.8S-26S para establecer una relación filogenética entre las poblaciones. Se secuenciaron individuos de las 10 poblaciones y se compararon con la otra especie local, *Festuca argentina*. Los análisis indicaron que las poblaciones de Somuncurá se asemejan más a *F. argentina* que a *F. pallescens*. Sin embargo, se detectan también diferencias puntuales entre los individuos de la población Somuncurá y *F. argentina*, por lo que no se descartan procesos de hibridación.

## GPE 6

**EVALUACIÓN POBLACIONAL DEL GATO DOMESTICO (*Felis catus*) EN PLANETA RICA-CÓRDOBA (COLOMBIA)**

Vives J.<sup>1</sup>, T. Cavadia<sup>1</sup>, E. Pardo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Córdoba, Colombia. E-mail: josevives12@hotmail.com

El objetivo de este trabajo fue evaluar la variabilidad genética en las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) en el municipio de Planeta Rica-Córdoba. Se realizaron muestreos en 6 barrios: Villa Dina, Porvenir, 22 de Agosto, Centro, Los Ángeles y San Roque. Los datos se obtuvieron mediante observación directa de los marcadores: Agouti (A/a), Tabby (Tb/Tm), Orange (O/o), Dilution (D/d), Spotting White (S/s), Dominant White (W/w) y Long hair (L/l) que codifican características morfológicas con respecto a la coloración del pelo y largo de éste. Se encontró que el marcador con la frecuencia alélica más elevada fue Dominant White, los marcadores Orange y Spotting White se encontraron en equilibrio de Hardy-Weinberg, además presentaron bajos niveles de heterocigosidad. Se encontró que en las subpoblaciones de San Roque y 22 de Agosto mostraron la mayor y menor heterocigosidad respectivamente; además se observó que el marcador con los mayores niveles de heterocigosidad fue Long hair y la más baja fue el marcador Dominant White. El dendograma obtenido para las subpoblaciones de Planeta Rica muestra la similitud entre las subpoblaciones Centro, Los Ángeles, San Roque y 22 de Agosto, evidenciando la cercanía geográfica entre ellas. A nivel Colombia, el dendograma obtenido muestra como Planeta Rica se agrupa con las poblaciones del interior, lo cual evidencia su semejanza genética con poblaciones como Bogotá.

## GPE 7

### VARIACIÓN DEL GEN COMT EN LA POBLACIÓN DE RESISTENCIA Y SU ASOCIACIÓN CON LA SENSIBILIDAD AL DOLOR

González R.<sup>1</sup>, D.M. Hohl<sup>1</sup>, L.A. Glesmann<sup>1</sup>, G.P. Di Santo Meztler<sup>1</sup>, C.I. Catanesi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Diversidad Genética, IMBICE, La Plata, Buenos Aires. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, La Plata, Buenos Aires.  
E-mail: gonzalezrebe85@gmail.com

La sensibilidad al dolor responde a múltiples factores, entre otros, la información genética de cada individuo. El gen COMT codifica una enzima responsable de controlar la neurotransmisión dopaminérgica y adrenérgica, regulando la señalización del dolor. Este gen presenta diversos SNPs que pueden afectar su actividad metabólica. Con el objetivo de conocer la variación de COMT en nuestra población se analizaron 5 polimorfismos del gen en la población de Resistencia (n=108). Se tipificaron rs740603, rs6269, rs4633 y rs4680 por PCR-RFLP, y rs4818 por PCR alelo-específica. La diversidad nucleotídica media hallada fue de 48,12 % +/- 38,54 y se observó ajuste al equilibrio de Hardy-Weinberg (test exacto). Los datos resultaron significativamente diferentes de los obtenidos en una muestra hospitalaria bonaerense (test exacto de diferenciación), con valores de heterocigosis entre 46,25 % y 58,33 %, mayores que los hallados en bonaerenses. Se evaluó la posible asociación de los SNPs con la sensibilidad al dolor mediante datos de visitas odontológicas y de consumo de analgésicos (n=80, test de Kruskal-Wallis). Si bien los valores P obtenidos no fueron significativos, se observó una tendencia para rs740603 en dolor odontológico y para éste y rs4680 en el consumo de analgésicos (P=0,05 a 0,10). Los datos hallados sugieren que la población de Resistencia posee una composición genética particular actuando en la expresión de este complejo fenotipo. La contribución nativa americana evidenciada en datos de linajes maternos sería responsable de los resultados hallados.

## GPE 8

### QTL PARA TERMOTOLERANCIA DE *Drosophila melanogaster* EN EL AMBIENTE TÉRMICO NATURAL

Borda M.<sup>1</sup>, P. Sambucetti<sup>1</sup>, F.H. Gomez<sup>1</sup>, F.M. Norry<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, IEGEBA (CONICET-UBA).  
E-mail: fnorry@ege.fcen.uba.ar

El objetivo del presente trabajo fue investigar la base genética de la resistencia al estrés por alta temperatura en condiciones naturales durante el estadio pre-adulto del ciclo de vida en el insecto modelo *Drosophila melanogaster*. Se utilizaron líneas RIL (*Recombinant Inbred Lines*) previamente obtenidas, que derivan del cruzamiento entre una línea muy sensible al calor y una línea muy resistente al calor. Se midió la sobrevivencia larvaria en cultivos de bananas en el campo en el verano de 2015. Para ello se sembraron 40 huevos por RIL en cada banana, con dos réplicas de cultivo por RIL. Las moscas emergidas fueron colectadas para registrar el número de machos y hembras emergidos desde cada fruto. La temperatura fue monitoreada a lo largo del experimento. Este experimento se realizó en verano tardío cuando se registraron temperaturas aún elevadas. Se estimó la sobrevivencia larvaria como la proporción de moscas emergidas. Con estos datos se realizó un mapeo del intervalo compuesto implementado con el programa QTL-Cartographer. Se identificaron *QTL* (*Quantitative Trait Loci*) de gran efecto para la sobrevivencia larvaria y emergencia en condiciones de calor. Los *QTL* identificados para la resistencia al calor en el estadio pre-adulto co-localizan (solapan) con *QTL* identificados en estudios previos en la mosca adulta, particularmente en la banda 10 del cromosoma X. Estos resultados indican una alta concordancia entre *QTL* identificados en condiciones controladas de laboratorio y *QTL* en el ambiente natural.

## GPE 9

**RESPUESTA AL ESTRÉS TÉRMICO DURANTE ESTADIOS TEMPRANOS EN GERMOPLASMA SILVESTRE Y CULTIVADO DE *Helianthus annuus* L.**

Hernández F.<sup>1</sup>, A. Presotto<sup>1</sup>, M. Poverene<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Agronomía, UNS, CERZOS-CONICET.

E-mail: fhernandez@cerzos-conicet.gob.ar

La producción de girasol (*H. annuus* L.) en Argentina ha sido desplazada de la zona núcleo de la Región Pampeana hacia ambientes con menor potencial de rendimiento y mayor variabilidad ambiental, esto sumado a la opción de distintas fechas de siembra hace que el cultivo de girasol sea expuesto con frecuencia a estrés térmico. El objetivo del trabajo fue identificar fuentes de variabilidad en la respuesta a estrés térmico. Se evaluaron poblaciones silvestres de *H. annuus* junto con materiales cultivados en distintos tratamientos de estrés por frío (-2 y -4° C durante 3 y 4 hs) y calor (52 y 54° C durante 2 y 3 hs), el porcentaje de supervivencia fue el indicador de tolerancia utilizado. Mediante ANOVA se evaluó el efecto del germoplasma (silvestre *vs.* cultivado) y el efecto del biotipo anidado en el germoplasma. En la respuesta al estrés por frío, el efecto germoplasma no fue significativo mientras que el efecto biotipo fue significativo ( $p=0,05$ ), la variabilidad fue encontrada dentro del germoplasma silvestre. En la respuesta al estrés por calor, el efecto germoplasma fue significativo ( $p=0,0001$ ), los materiales cultivados mostraron una mayor tolerancia mientras que la variabilidad dentro de germoplasma no fue significativa. Estos resultados preliminares sugieren que la variabilidad encontrada en biotipos silvestres en respuesta a bajas temperaturas podría ser utilizada en programas de mejoramiento para aumentar la tolerancia a frío de los materiales cultivados mientras que la tolerancia a altas temperaturas podría estar ya presente en el germoplasma cultivado.

## GPE 10

**VARIABILIDAD MORFOLÓGICA EN POBLACIONES NATURALES DE ESPECIES POLIPLOIDES SEXUALES DE *Paspalum***

Schedler M.<sup>1</sup>, E.A. Brugnoli<sup>1</sup>, A.L. Zilli<sup>1</sup>, C.A. Acuña<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>2</sup>, E.J. Martínez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNaM, Misiones.

E-mail: schedlermara@gmail.com

Los estudios de diversidad genética son importantes para la conservación y uso sustentable de los recursos naturales. El objetivo del trabajo fue evaluar la variabilidad morfológica en cuatro especies tetraploides sexuales del género *Paspalum*. Se usaron dos especies autoestériles, *Paspalum durifolium* y *P. ionanthum*, y dos autofértiles, *P. regnellii* y *P. urvillei*. Se evaluaron cinco poblaciones por especie de 20 individuos cada una. Se analizaron 7 variables vegetativas y 6 reproductivas. Se utilizó el CV para estimar la diversidad intra-poblacional, el ANOVA para estimar la diversidad inter-poblacional y el índice de Shannon para conocer la diversidad total de cada especie. Se observó variación intra-poblacional en *P. durifolium* para las variables vegetativas largo del 2° entrenudo y largo de la 2° vaina foliar. En general, las variables reproductivas no mostraron variación intra-poblacional. Todas las variables analizadas mostraron diferencias significativas ( $p<0,05$ ) en las poblaciones de las 4 especies analizadas con excepción de *P. durifolium* que no mostró diferencias significativas para largo de la inflorescencia. El índice de Shannon fue de 1,58, 1,66, 1,81 y 1,85 para *P. regnellii*, *P. urvillei*, *P. ionanthum* y *P. durifolium*, respectivamente. Los caracteres vegetativos fueron más informativos para medir la variación morfológica en las especies poliploides sexuales. La diversidad observada fue menor en las poblaciones naturales de las especies autofértiles con respecto a las especies autoestériles lo cual estaría en relación a su sistema de polinización.



## GPE 11

### ESTIMA DEL ROL DEL FLUJO GÉNICO MEDIADO POR POLEN *VERSUS* EL FLUJO GÉNICO MEDIADO POR SEMILLA BAJO AISLAMIENTO POR DISTANCIA BASADA EN REGRESIONES

Barrandeguy M.E.<sup>1,2,3</sup>, M.V. García<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Departamento de Genética, FCEQyN, UNaM. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical, Nodo Posadas (UNAM-CONICET). <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.

E-mail: ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

Las poblaciones que se encuentran suficientemente apartadas entre sí o que experimentan niveles bajos de flujo génico presentarán aislamiento por distancia. El análisis de la diferenciación genética en genomas con diferentes modos de herencia permite el estudio del rol relativo de los niveles de flujo génico mediado por polen y por semilla. Se propone el estimador  $r_{IBD} = (p_2)/(s_2) = (n_2 - 2c_2)/(c_2)$ , donde  $n_2$  y  $c_2$  son las varianzas de dispersión en marcadores de herencia biparental y uniparental, respectivamente. El estimador propuesto permite conocer el rol relativo del flujo génico por polen en relación al flujo génico por semilla bajo aislamiento por distancia para especies hermafroditas. Para su estimación se propone el empleo de las pendientes de las regresiones entre  $F_{ST}/(1 - F_{ST})$  y las distancias geográficas entre las poblaciones. Para testar el estimador propuesto se realizaron 400 simulaciones empleando el programa IBDsim bajo condiciones que representaron dos escenarios alternativos y se emplearon datos empíricos de poblaciones naturales de *Quercus lobata* (Ne'e) disponibles en el repositorio digital Dryad. En ambos análisis,  $r_{IBD}$  representó una estima de la varianza de dispersión por polen *versus* la varianza de dispersión por semillas y reflejó el rol relativo del flujo génico por polen *versus* el flujo génico por semilla bajo aislamiento por distancia.

## GPE 12

### ANÁLISIS DE CORRESPONDENCIA CANÓNICA COMO HERRAMIENTA PARA IDENTIFICAR POSIBLE ACCIÓN AMBIENTAL SOBRE REGIONES SSRNU EN POBLACIONES DE CURUPAY

García M.V.<sup>1,2,3</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Departamento de Genética, FCEQyN, UNaM. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical, Nodo Posadas (UNAM-CONICET). <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.

E-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

El estudio de la relación entre las frecuencias alélicas de determinados loci con variables ambientales permite identificar loci de relevancia ambiental asumiendo que la selección natural genera cambios en las frecuencias alélicas en loci ligados a genes con valor adaptativo. El análisis de correspondencia canónica es un análisis de correspondencia en el que regresiones múltiples ponderadas se utilizan para representar los ejes como una combinación lineal de las variables explicativas. Se analizaron las frecuencias alélicas de ocho loci SSRnu en individuos de curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) provenientes de dos regiones biogeográficas, Paranaense y Yungas, para relacionarlas con siete variables climáticas. Mediante el uso de DIVA GIS y Bioclim, el valor de cada variable fue extraído de acuerdo a la posición geográfica de cada individuo. Los ordenamientos canónicos de seis loci resultaron estadísticamente significativos y sólo en tres de ellos (Ac11.2, Ac41.1 y Ac162.1) la variación de sus frecuencias alélicas puede ser explicada, en parte, por las variables ambientales consideradas. Para estos loci, en promedio, el 29 % de la variación total es explicada por las siete variables climáticas. Los dos primeros ejes canónicos contienen el 77 % de la variación explicada, resumiendo el 1er eje el 22,33 % de la variación total. Para los tres loci la variable Temperatura Media Anual fue la más explicativa separando a los individuos según la región biogeográfica de origen. Para este análisis se aplicó el software Vegan: *Community Ecology Package*, R package versión 2.3-0.

## GPE 13

## RELACIONES FILOGENÉTICAS EN *Nacobbus aberrans sensu lato* EMPLEANDO EL GEN CITOCROMO OXIDASA I

Lax P.<sup>1</sup>, J.C. Rondan Dueñas<sup>2</sup>, A.J. Andrade<sup>3</sup>, C.N. Gardenal<sup>4</sup>, M.E. Doucet<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IDEA (CONICET-UNC) y Centro de Zoología Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba. <sup>2</sup>CEPROCOR, Centro de Excelencia de Productos y Procesos, Córdoba, Córdoba. <sup>3</sup>INTA Abra Pampa, Jujuy. <sup>4</sup>IDEA (CONICET-UNC) y Cátedra de Genética de Poblaciones y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, UNC, Córdoba.  
E-mail: plax@efn.uncor.edu

El nematodo fitófago *Nacobbus aberrans sensu lato* posee estatus cuarentenario en mérito a la capacidad de daño que ocasiona a la agricultura. Por la variabilidad que muestran sus poblaciones, principalmente a nivel de la región ITS del ADN ribosomal, se ha sugerido que comprendería varias especies. El ADN mitocondrial ha mostrado ser un eficiente marcador para resolver complejos de especies. Por el momento no existen secuencias de este nematodo publicadas en el GenBank. Se analizaron las relaciones filogenéticas entre 15 poblaciones de distinto origen geográfico (13 argentinas, 1 ecuatoriana y 1 boliviana), en base a una secuencia parcial del gen citocromo oxidasa I (COI). Se extrajo ADN de ejemplares juveniles, se amplificó y secuenció un fragmento de 310 pb. Análisis con *Neighbour Joining* y *Maximum Likelihood* permitieron diferenciar tres grupos con altos valores de soporte estadístico: I) poblaciones de Catamarca, Santa Fe, Córdoba, Buenos Aires, Mendoza y Tucumán; II) poblaciones de Jujuy y Bolivia; III) una población de Ecuador. El agrupamiento observado coincidió con resultados previos obtenidos con la región ITS; esto sugiere que el gen COI sería un buen marcador molecular para dilucidar la situación taxonómica de este nematodo.

## GPE 14

## IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE POBLACIONES DEL GÉNERO *Globodera* DE LA REGIÓN ANDINA DE ARGENTINA Y BOLIVIA

Dambrosi Orsini M.N.<sup>1</sup>, J.C. Rondan Dueñas<sup>2</sup>, A.J. Andrade<sup>3</sup>, J. Franco<sup>4</sup>, C.N. Gardenal<sup>5</sup>, M.E. Doucet<sup>1</sup>, P. Lax<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IDEA (CONICET-UNC) y Centro de Zoología Aplicada, Facultad de Cs. Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. <sup>2</sup>CEPROCOR, Córdoba. <sup>3</sup>INTA Abra Pampa, Jujuy. <sup>4</sup>PROINPA, Bolivia. <sup>5</sup>IDEA (CONICET-UNC) y Cátedra de Genética de Poblaciones y Evolución, Facultad de Cs. Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba.  
E-mail: noedambrosi@gmail.com

En Sudamérica la papa representa un recurso familiar económico y alimenticio importante en la región andina. Los principales nematodos formadores de quistes que atacan ese cultivo son *G. pallida* y *G. rostochiensis*, que pueden ocasionar significativas pérdidas en la producción. Esas especies tendrían una amplia distribución en Bolivia; sin embargo, existe poca información sobre la presencia de estos parásitos en el noroeste de nuestro país. El objetivo del trabajo fue identificar a nivel específico individuos provenientes de lotes de papa de distintas localidades (Argentina: 2 poblaciones de Jujuy; Bolivia: 3 y 4 poblaciones de La Paz y Cochabamba, respectivamente). Se extrajo el ADN de quistes del nematodo, se amplificó y secuenció la región ITS del ADN ribosomal. Mediante Inferencia Bayesiana se analizaron las relaciones filogenéticas de las poblaciones estudiadas con otras de *Globodera* spp. obtenidas del GenBank. Una población de La Paz se agrupó con secuencias de *G. pallida* (100 % de similitud) mientras que el resto de los individuos se unieron con secuencias conocidas de *G. rostochiensis*, mostrando valores de similitud que oscilaron entre un 97-99 %. En los años 60, se mencionó que *G. rostochiensis* se hallaba en Argentina; al no existir material de referencia, no fue posible corroborar la certeza de la identificación oportunamente efectuada. Los resultados del presente trabajo confirmarían la presencia de esa especie en el noroeste del país.

## GPE 15

**ANÁLISIS DEL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO OXIDASA I (COI) EN EL INSECTO PLAGA *Nezara viridula* (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE)**

Pérez de Rosas A.R.<sup>1</sup>, B.A. García<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INICSA (CONICET-UNC) y Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba.  
E-mail: arperez@biomed.fcm.unc.edu.ar

*Nezara viridula* es responsable de producir importantes daños económicos en diferentes cultivos. El análisis de la estructura genética y filogeografía de esta especie podría aportar bases para planificar un manejo integrado de esta plaga. Con el propósito de iniciar estos estudios se analizó la variabilidad de un fragmento de 718 pb del gen COI en individuos de diferentes localidades de Argentina. El análisis comparativo de las secuencias reveló 3 haplotipos determinados por 9 sitios variables. La diversidad nucleotídica total observada fue de 0,00248 y 0,00140, de acuerdo a los estimadores  $W$  y  $\pi$ , respectivamente. El número promedio de diferencias nucleotídicas ( $K$ ) fue 1,00. La mayoría de los individuos analizados presentaron el haplotipo A, mientras que la localidad de Junín (Buenos Aires) presentó el haplotipo B y en Rosario (Santa Fe) se detectó el haplotipo C. Se observó una divergencia entre pares de haplotipos que osciló entre 0,0028 (haplotipos A y B) y 0,0070 (haplotipos B y C). La red de haplotipos obtenida indicó que las diferentes secuencias podrían haber derivado de un haplotipo ancestral común (A). Los haplotipos B y C se separan del A por 6 y 7 eventos mutacionales, respectivamente. En un trabajo previo en el que se analizaron insectos procedentes de diferentes continentes se detectaron 7 haplotipos. Considerando que en este estudio se detectaron 3 haplotipos en individuos procedentes de localidades cercanas de nuestro país, la región amplificada de COI podría resultar útil para realizar estudios de estructura genética y filogeografía en *N. viridula*.

## GPE 16

**ESTRUCTURA GENÉTICA Y ORIGEN DE POBLACIONES SIMPÁTRICAS DEL GÉNERO *Helianthus* EN ARGENTINA**

Mondon A.<sup>1</sup>, M. Cantamutto<sup>2</sup>, M. Poverene<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Sur. <sup>2</sup>INTA EEA H. Ascasubi. <sup>3</sup>CERZOS-CONICET.  
E-mail: almondon@criba.edu.ar

*Helianthus annuus* y *H. petiolaris* son dos especies naturalizadas en Argentina, parientes silvestres del girasol. En varias localidades del centro del país donde se cultiva girasol existen zonas híbridas de ambas especies. Se investigó la estructura de esas zonas y la ancestría de los individuos mediante el análisis de 11 marcadores SSR, usando el programa Structure asumiendo la presencia de dos grupos ( $K=2$ ). En las cuatro localidades se observó estructura genética con grupos que se corresponden con los establecidos de acuerdo a la clasificación morfológica y evidencia de flujo génico. Se evaluó la fertilidad en progenies de estas localidades mediante viabilidad del polen para confirmar la hibridación interespecífica. Las situaciones fueron similares en tres de las zonas, mientras que la cuarta reveló un origen diferente de la población, ya que los individuos clasificados morfológicamente como *H. annuus* evidenciaron ancestría híbrida en todos los ejemplares, valores variables de viabilidad de polen ( $x=0,85$ ,  $SD=0,32$ ) y presencia de individuos androestériles. En todos los casos existe la posibilidad de flujo génico con girasol cultivado, sin embargo, este análisis y estudios previos sugieren que en el último caso, *H. annuus* constituye un biotipo diferente derivado de la hibridación con girasol cultivado. En el resto de los sitios, *H. annuus* correspondería a la especie silvestre introducida.



## GPE 17

**VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Varroa destructor* EN COLMENAS DE *Apis mellifera* DE ARGENTINA**

Muntaabski I.<sup>1</sup>, S.B. Lanzavecchia<sup>1</sup>, M.A. Palacio<sup>2</sup>, J. Merke<sup>3</sup>, G. Rodríguez<sup>4</sup>, J.L. Cladera<sup>1</sup>, A.C. Scannapieco<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", INTA Castelar. <sup>2</sup>Unidad Integrada Universidad Nacional de Mar del Plata- INTA Balcarce. <sup>3</sup>Estación Experimental Rafaela, INTA Santa Fe. <sup>4</sup>Estación Experimental Hilario Ascasubi, INTA.  
E-mail: imuntaabski@gmail.com

La parasitosis causada por *Varroa destructor* es el principal problema sanitario que enfrenta la apicultura occidental. Este ectoparásito ataca los estadios larval y adulto de *Apis mellifera*, afectando el estado nutricional de las abejas y el estado general de la colmena. Se ha descrito la existencia de 2 haplotipos (J y K) para una región del gen citocromo oxidasa I (COI) del ADN mitocondrial de *V. destructor*, los que infestan *A. mellifera* con distinta virulencia. Estudios previos de variabilidad genética para este marcador han reportado sólo la presencia de este último haplotipo y un bajo nivel de polimorfismo entre poblaciones de Argentina. El objetivo de este trabajo es caracterizar genéticamente las poblaciones de *V. destructor* asociadas a colmenas de *A. mellifera* procedentes de varias regiones de Argentina, analizando el gen mitocondrial NADH deshidrogenasa descrito como polimórfico en otras especies. Se analizó el polimorfismo mediante amplificación por PCR y secuenciación. Los resultados indican que las secuencias nucleotídicas analizadas corresponden al haplotipo K y evidencian 2 sitios polimórficos entre las secuencias argentinas y las europeas y norteamericanas ya publicadas. Se concluye que las regiones del ADN mitocondrial analizadas muestran baja variabilidad genética, siendo necesario el análisis de nuevas regiones que puedan evidenciar polimorfismos útiles para conocer la diversidad genética del ácaro y para el desarrollo de marcadores que permitan diferenciar poblaciones de *V. destructor* en función de su virulencia.

## GPE 18

**FILOGEOGRAFÍA DE ESPECIES DEL GÉNERO *Ancistrus* (LORICARIIDAE) DE LA CUENCA DEL RÍO PARAGUAY, BRASIL**

Borba R.S.<sup>1</sup>, S. Mariotto<sup>2</sup>, L. Centofante<sup>3</sup>, D. Ferreira<sup>3</sup>, C.H. Zawadzki<sup>4</sup>, P.P. Parise-Maltempi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biociencias, Universidade Estadual Paulista, Campus de Rio Claro, SP, Brasil. <sup>2</sup>Instituto Federal de Ciencias e Tecnologia do Mato Grosso, Cuiabá, MT, Brasil. <sup>3</sup>Instituto de Biociencias, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT, Brasil. <sup>4</sup>Departamento de Biologia, NUPELIA, UEM, Maringá, Paraná, Brasil.  
E-mail: rafasborba@hotmail.com

El género *Ancistrus* es conocido por grandes diferencias taxonómicas entre algunas especies y poblaciones. Datos citogenéticos han ayudado a discriminar y aislar algunas poblaciones de *Ancistrus* de la cuenca del río Paraguay, pero las relaciones filogeográficas entre ellas permanecen oscuras. En este sentido, el presente trabajo apunta a establecer relaciones filogeográficas entre poblaciones provenientes de dos diferentes localidades de la cuenca del Río Paraguay (Chapada dos Guimaraes (CG) y Serra de São Vicente (SV)). Se analizaron nueve poblaciones de *Ancistrus* sp. distribuidos en nueve localidades a lo largo de la cuenca del río Paraguay. Fueron analizadas secuencias del gen mitocondrial ATPase (6/8) de 48 individuos, el alineamiento fue realizado en BioEdit y el análisis filogeográfico fue realizado con el *software* NETWORK. Nuestros resultados muestran que los caracteres del genoma mitocondrial son buenos marcadores para distinguir y aislar las poblaciones analizadas. El análisis generó una red que contiene 18 haplotipos, cuatro de ellos corresponden a las poblaciones de la SV y otras localidades cercanas representan la región de Chapada dos Guimaraes. H2 (CG) es el haplotipo ancestral con mayor frecuencia (29,16 %). La red muestra una clara separación de las poblaciones de CG y SV y además la mayoría de los haplotipos representan solamente una localidad. Estos resultados muestran que las especies y poblaciones de *Ancistrus* sp. tienen un alto nivel de aislamiento geográfico en diferentes partes de la cuenca del río Paraguay.

## GPE 19

### RESPUESTA ADAPTATIVA DE *Nothofagus pumilio* EN UN GRADIENTE PLUVIOMÉTRICO: ESTUDIO DE GENES CANDIDATOS Y MODELADO DE NICHO ECOLÓGICO

Soliani C.<sup>1,2</sup>, M.M. Azpilicueta<sup>1</sup>, E. Thomas<sup>3</sup>, V. Mondino<sup>4</sup>, G. Dalla Salda<sup>1</sup>, M.V. Arana<sup>1,2</sup>, P. Marchelli<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina. <sup>3</sup>Bioversity International, Regional Office for the Americas, Cali, Colombia. <sup>4</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Esquel. E-mail: soliani.carolina@inta.gob.ar

En el actual contexto de cambio climático global (CC), caracterizado por una mayor frecuencia de fenómenos climáticos extremos (ej.: sequías), pretendemos generar información acerca de la capacidad adaptativa de una especie forestal nativa de Patagonia: *Nothofagus pumilio* (Lenga). Esta especie se distribuye a lo largo de amplios gradientes de temperatura, fotoperíodo y precipitación. Suponiendo que a nivel poblacional existen genotipos mejor adaptados a su hábitat local, buscamos caracterizar la variación en genes (GC) involucrados en la respuesta a estrés abiótico. Además, a través de la combinación de la información genética y el modelado de nicho ecológico en base a los escenarios predichos en el marco del CC, identificar las poblaciones más vulnerables y con prioridad de conservación. Establecimos una transecta de estudio longitudinal (43° S), donde las precipitaciones disminuyen de 1.500 a 300 mm/año, y muestreamos 6 poblaciones de Lenga. Realizamos un *screening* de individuos adultos utilizando 7 marcadores microsatélites para evaluar la estructura poblacional. Seleccionamos GC a partir de información disponible del transcriptoma de una especie cercana (*N. alpina*=*nervosa*), priorizando en la búsqueda los anotados con términos relevantes, ej.: respuesta a estrés hídrico. Logramos la amplificación de 12 genes putativos y secuenciamos individuos de poblaciones contrastantes. Mediante DnaSPv5 estamos analizando los polimorfismos. Los mapas de modelado de nicho ecológico a futuro muestran zonas de vulnerabilidad en Lenga en el extremo árido, que coincide con la estepa patagónica.

## GPE 20

### EXPRESIÓN DE LA AUTO-INCOMPATIBILIDAD ESPOROFÍTICA EN POBLACIONES INVASORAS DE *Helianthus* ANUALES

Scaccia D.<sup>1</sup>, A. Gutierrez<sup>2</sup>, M. Poverene<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Agronomía, UNdelSur. <sup>2</sup>CERZOS-CONICET. E-mail: daiana\_sb@hotmail.com.

Las especies silvestres de *Helianthus* (Asteraceae) poseen un sistema genético de auto-incompatibilidad esporofítica, mientras que el girasol (*H. annuus* var. *Macrocarpus*) puede autofecundarse debido a la selección artificial por autocompatibilidad. Las poblaciones invasoras de *H. annuus* y *H. petiolaris* han demostrado tener una gran variación en la expresión de este sistema. Con el objetivo de estudiar las relaciones alélicas en este sistema, se realizaron cruzamientos controlados durante dos años entre plantas que mostraron mayor auto-compatibilidad de 5 poblaciones de cada especie invasora. Las descendencias se clasificaron en auto-incompatibles (SI), semi-compatibles (SSC) y auto-compatibles (SC). En *H. petiolaris* la proporción de plantas SI en las distintas descendencias varió entre 44 % y 100 %, con hasta un 37 % de plantas SC. En *H. annuus* la proporción de plantas SI varió entre 31 % y 100 %, con hasta 47 % de plantas SC. Estos resultados pudieron explicarse considerando hasta siete alelos S de auto-incompatibilidad mostrando relaciones de dominancia y co-dominancia tanto en plantas maternas como paternas en ambas especies. La auto-compatibilidad resultó más frecuente en *H. annuus* que en *H. petiolaris*, posiblemente debido al aporte de alelos del girasol por flujo génico, pero ambas especies fueron predominantemente auto-incompatibles.

## GPE 21

## ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL EN UNA POBLACIÓN NATURAL DE *Prosopis alba* MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES

Bessegga C.<sup>1</sup>, M. Ewens<sup>2</sup>, B.O. Saidman<sup>1</sup>, J.C. Vilardi<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. <sup>2</sup>Estacion Experimental Fernández, Universidad Católica de Santiago del Estero (UCSE). E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

La estructura genética espacial (SGS) es una característica importante en las poblaciones de plantas que es influida tanto por procesos evolutivos como ecológicos. La fragmentación del hábitat da lugar a la reducción de las poblaciones a remanentes aislados y se espera que aumente la SGS en las poblaciones a causa de apareamiento no aleatorio, densidades poblacionales más bajas y posible agrupación de los individuos reproductivos. En el presente estudio caracterizamos una población natural de algarrobo blanco (*Prosopis alba*) usando 12 microsatélites (SSR). La población analizada, Campo Durán (Salta), está relativamente aislada y, a diferencia de la mayor parte de las poblaciones naturales de algarrobo de nuestro país, aún no se ve amenazada por el avance de la frontera agrícola. En este trabajo evaluamos la SGS muestreando una transecta de 9 km. La variación genética para los SSR estudiados fue alta ( $n_e=11,1$ ;  $H_e=0,687$ ) y se detectó exceso de homocigotas ( $F_{is}=0,166$ ). La relación entre la co-ancestría estimada entre pares de individuos con la distancia geográfica indicó la ocurrencia de SGS significativa ( $P<0,05$ ). El valor estimado de  $S_p$  (extensión espacial) fue de 0,005, indicando un tamaño de vecindario ( $N_b$ ) de 200 individuos. A partir de esta estima se calculó la dispersión genética ( $g$ ) en 80 m considerando una densidad efectiva de 25 árboles/ha.

## GPE 22

## ANÁLISIS DEL SISTEMA DE FECUNDACIÓN EN UNA POBLACIÓN NATURAL DE *Prosopis flexuosa* MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES (SSR)

Bessegga C.<sup>1</sup>, B.O. Saidman<sup>1</sup>, C. Campos<sup>2</sup>, J.C. Vilardi<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. <sup>2</sup>Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas CCT (CONICET) Mendoza. E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

Para proponer estrategias de conservación y mejoramiento de una especie es necesario conocer su biología, incluyendo el sistema de reproducción, la ecología de la polinización y las características de la dispersión de las semillas. *Prosopis flexuosa* constituye un recurso muy valioso en la región del Monte y es una de las especies más relevantes incluidas en el plan de mejoramiento del algarrobo en Argentina. El objetivo de este trabajo fue evaluar su sistema reproductivo en una población natural dentro de un área protegida en la provincia de Mendoza (Reserva de Ñacuñán). Se analizó el sistema de fecundación sobre la base de la segregación de 4 loci SSR en 12 familias de polinización natural. De cada familia se analizaron 15 semillas. Los parámetros del sistema de fecundación se estimaron con el programa MLTR. La población analizada presenta fecundación cruzada con tasas de exocruzamultilocus ( $t_m$ ) y de loci simples ( $t_s$ ) de  $0,952 \pm 0,030$  y  $0,769 \pm 0,042$  respectivamente. La correlación de  $t_m$  entre familias no es significativa ( $r_t=-0,0762 \pm 0,134$ ) y existiría cierta endogamia biparental ( $t_m-t_s=0,183 \pm 0,037$ ). El 62 % de las semillas provenientes del mismo fruto y el 26 % de las de distinto fruto en la misma planta madre serían hermanas enteras. El número efectivo de progenitores masculinos que fecunda a cada planta madre es sólo 3 en promedio. Estos resultados son relevantes para el diseño de estrategias de conservación y deberían ser complementados con análisis de dispersión de polen y semillas.

## GPE 23

### FILOGEOGRAFÍA DEL VECTOR DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS *Triatoma infestans*

Fernández C.J.<sup>1</sup>, A.R. Pérez de Rosas<sup>1</sup>, B.A. García<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INICSA (CONICET-UNC) y Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba. E-mail: cjudithfernandez@gmail.com

*Triatoma infestans* es el vector más importante de la enfermedad de Chagas en América del Sur. Con el propósito de llevar a cabo un análisis filogeográfico de *T. infestans* y contribuir al conocimiento de la dinámica poblacional de esta especie, se analizaron 1.057 pb del gen mitocondrial de la subunidad 5 de NADH deshidrogenasa en 162 individuos procedentes de 21 localidades de Argentina y 2 de Bolivia. De los 35 haplotipos detectados, 3 estuvieron presentes en más de una población y los 32 restantes se presentaron en forma exclusiva, lo que sugiere limitados niveles actuales de flujo génico. El test de Mantel ( $r=0,47$ ,  $P<0,05$ ) indicó un modelo de aislamiento por distancia. El análisis espacial de la varianza molecular (SAMOVA), el de coalescencia del programa GENELAND y el de asignación implementado en el programa STRUCTURE revelaron que uno de los clusters detectados estaba conformado por las poblaciones de Bolivia. En concordancia, el árbol obtenido mediante el método de “Neighbor-Joining” y la red de haplotipos construida con el método de “Median Joining”, permitieron distinguir que uno de los 3 haplogrupos detectados estaba constituido por los haplotipos exclusivos de Bolivia. La red de haplotipos mostró 2 haplogrupos espacialmente circunscriptos, con un patrón de distribución del tercer haplogrupo compatible con una expansión reciente. Los resultados del test de neutralidad de  $F_s$  de  $F_u$  y las distribuciones de diferencias nucleotídicas entre pares de secuencias también apoyaron una expansión demográfica.

## GPE 24

### ESTRUCTURA GENÉTICA FINA Y AISLAMIENTO POR DISTANCIA EN UNA POBLACIÓN DE *Prosopis alba*

Roser J.C.<sup>1</sup>, B.O. Saidman<sup>1</sup>, L.I. Ferreyra<sup>1</sup>, M. Ewens<sup>2</sup>, J.C. Vilardi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IEGEB (CONICET), Departamento EGE, Fac. Cs. Exactas y Nat., UBA. <sup>2</sup>Estación Experimental Fernández, Departamento de Robles, Universidad Católica, Santiago del Estero. E-mail: vilardi@ege.fcen.uba.ar

La estructuración genética espacial a escala fina en plantas es un fenómeno que puede ocurrir cuando las poblaciones presentan una distancia de dispersión baja en comparación con el área que cubren. En árboles la estructura a escala fina estaría determinada principalmente por la dispersión a través de las semillas y el polen. En condiciones de dispersión restringida, es esperable que el bajo flujo génico resulte en un proceso de diferenciación genética dentro de poblaciones continuas, que genere una estructura poblacional acorde a un modelo de aislamiento por distancia. Se estudió si una población de *Prosopis alba* de Santiago del Estero posee una estructura acorde a un modelo de aislamiento por distancia, y si presenta señales de cuellos de botella recientes. Para ello se analizaron 7 loci microsatélites mediante los coeficientes  $F_i$  utilizando una aproximación bayesiana, y aplicando métodos de autocorrelación espacial. Se observó un patrón de valores de coancestría decrecientes con la distancia geográfica entre pares de individuos. Un parche mostró además señales de un posible cuello de botella reciente. Los resultados son consistentes con la hipótesis de que la población posee parches y corredores conectados por flujo génico, manteniendo una diferenciación baja entre sitios. A la escala espacial estudiada, el modelo de aislamiento por distancia sería el que mejor representa la estructura genética de la población.

GPE 25

## COMPARACIÓN DE LA APTITUD BIOLÓGICA DE HÍBRIDOS DE COLZA Y LA MALEZA *B. rapa* CON Y SIN RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS

Hernandez M.<sup>1</sup>, M.S. Ureta<sup>1,2</sup>, F. Torres Carbonell<sup>1</sup>, C.E. Pandolfo<sup>1,2</sup>, M. Poverene<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>UNS. <sup>2</sup>CERZOS.  
E-mail: mario.s.hernandez@hotmail.com

El cultivo de variedades de colza (*Brassica napus*) IMI-resistentes en nuestro país presenta el riesgo de transferencia de esa característica a diversas especies silvestres emparentadas, especialmente a *B. rapa*. El establecimiento de malezas resistentes a herbicidas está influenciado por el flujo génico y la aptitud biológica de los híbridos cultivo-maleza. Si los híbridos presentaran una aptitud igual o mayor a sus parentales posibilitaría la aparición de biotipos más agresivos en regiones agrícolas. El objetivo de este trabajo fue evaluar las diferencias en aptitud biológica de malezas resistentes y susceptibles a imidazolinonas. En un ensayo previo se obtuvieron híbridos cultivo-maleza detectados por resistencia (FTR) o por caracteres morfológicos (FT). Se tomaron 30 individuos por genotipo y se sembraron en un jardín común junto con los controles *B. rapa* y *B. napus*. Se evaluaron caracteres fenológicos y reproductivos. Mediante comparación de medias se observó una disminución en el número de semillas para las FTR y FT en comparación con las poblaciones control, asimismo se hallaron diferencias entre FTR y FT. Los individuos FT tuvieron una mayor tasa de supervivencia en el campo experimental. Esto demuestra que los individuos híbridos tienen una menor aptitud biológica que sus progenitores y que existen diferencias entre las poblaciones IMI resistentes y susceptibles. No obstante, las semillas híbridas pueden permanecer en el banco de semillas de suelo y convertirse en reservorios de resistencia a herbicidas para futuras generaciones.

GPE 26

## DIFERENCIAS DE LONGEVIDAD ENTRE LÍNEAS DE ALTA Y BAJA TOLERANCIA AL CALOR DE *Drosophila melanogaster*

Sambucetti P.<sup>1</sup>, F.M. Norry<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, IEGEBA (CONICET-UBA).

E-mail: pablosambucetti@ege.fcen.uba.ar

La longevidad es un carácter fuertemente influenciado por la temperatura, en especial en ectotermos. Estudios previos proponen que las bases genéticas de la termotolerancia pueden tener efecto también sobre la longevidad. El objetivo de este trabajo fue explorar el efecto de dos QTLs (*Quantitative Trait Loci*) de resistencia al calor sobre la longevidad en alta y moderada temperatura en *Drosophila melanogaster*. Se utilizaron 2 líneas homocigotas para marcadores microsatélites que mapean dentro de QTLs para la resistencia al calor en los cromosomas X (bandas 10A1-A2) y 2 (bandas 34C-42F), mientras que el resto del genoma no segrega QTL para longevidad en estas dos líneas. Para cada QTL, una línea es homocigota para el alelo de QTL resistente al calor y la otra línea es homocigota para el alelo de QTL sensible al calor. Se midió la longevidad a 25° C y 30° C como así también bajo un tratamiento cíclico (8 hs: 16 hs a 30° C y 25° C, respectivamente) en cada línea. A 25° C, los machos de la línea de alta resistencia al calor presentaron mayor longevidad que la de baja resistencia para el QTL del cromosoma 2, mientras que el patrón inverso se observó en hembras para el QTL del cromosoma X. En alta temperatura (30° C), las líneas de baja resistencia al calor para ambos QTL estudiados resultaron más longevas en ambos sexos. No se observaron diferencias bajo el tratamiento cíclico. Estos resultados muestran que genotipos responsables de la termotolerancia pueden estar asociados con la longevidad debido a pleiotropía o ligamiento entre genes localizados en los QTL estudiados.



## GPE 27

### CARACTERIZACIÓN FILOGENÉTICA Y FILOGEOGRÁFICA DE ROEDORES DEL GÉNERO *Ctenomys* (RODENTIA-CTENOMYIDAE) DEL NOROESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES.

Carnovale C.S.<sup>1</sup>, M.L. Farace<sup>1</sup>, C.E. Figueroa<sup>1,4</sup>, M.I. Sagua<sup>1</sup>, D.B. Acosta<sup>1</sup>, R. Tintorelli<sup>1</sup>, M.L. Merino<sup>1,3</sup>, M.S. Mora<sup>2,4</sup>, G.P. Fernández<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Centro de BioInvestigaciones/CIT NOBA (UNNOBA). <sup>2</sup>Universidad Nacional de Mar del Plata. <sup>3</sup>CIC. <sup>4</sup>CONICET.

E-mail: ceci.carnovale@gmail.com

En el noroeste de la provincia de Buenos Aires se han registrado poblaciones de roedores subterráneos pertenecientes al género *Ctenomys* que aún no han sido debidamente estudiadas ni desde su taxonomía ni de un enfoque genético-poblacional. En este trabajo se iniciaron las campañas de muestreo en poblaciones de ctenómidos en las localidades de Lincoln (n=7) y Cazón (n=1); a partir de las cuales se obtuvieron las secuencias del locus completo del citocromo b (1140 pb) y un fragmento de la región control mitocondrial (391 pb), para luego ser analizados y comparados junto a otras secuencias de especies del género presentes en la base de datos GenBank. Para el citocromo b se obtuvieron dos nuevos haplotipos a los previamente reportados. Los análisis filogenéticos realizados con los algoritmos de máxima verosimilitud (ML), vecino más cercano (NJ) e inferencia bayesiana (BI), agrupan en un mismo clado a las poblaciones de ctenómidos estudiadas junto a aquellas ya asignadas a la especie *C. talanum*. Para el fragmento de la región control se obtuvo un nuevo haplotipo para la población de Cazón y un único haplotipo para la población de Lincoln, ya reportado en estudios anteriores para Mar de Cobo. Que dos poblaciones, geográficamente tan distantes entre sí, como Lincoln (centro-oeste) y Mar de Cobo (litoral) compartan un mismo haplotipo apoyaría la hipótesis de que las poblaciones habrían tenido una distribución más amplia y continua en el pasado.

## GPE 28

### ACLIMATACIÓN DE *Solanum kurtzianum* EN UN RANGO ALTITUDINAL: RESPUESTA A RADIACIÓN UV-B

Ibañez V.N.<sup>1</sup>, F.J. Berli<sup>2</sup>, R.W. Masuelli<sup>1</sup>, R.A. Bottini<sup>2</sup>, C.F. Marfil<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. <sup>2</sup>Laboratorio de Bioquímica Vegetal, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET.  
E-mail: vibanez@fca.uncu.edu.ar

Las especies silvestres de papa (*Solanum*, sección Petota) parientes del tercer cultivo en importancia mundial, representan un recurso indispensable para contribuir a la seguridad alimentaria, por lo que su conservación y utilización en el mejoramiento genético son aspectos destacados dentro de la agenda internacional. *Solanum kurtzianum*, la especie silvestre de papa argentina con mejor adaptación a ambientes áridos, está ampliamente distribuida en la Reserva Natural Villavicencio (RNV), Mendoza, entre los 1100 y 2400 m s.n.m., gradiente altitudinal que genera diferencias del 15 % en los niveles de radiación ultravioleta-B (UV-B). El objetivo del trabajo fue evaluar la respuesta a UV-B en poblaciones recolectadas a lo largo del gradiente altitudinal y evaluar la posible influencia de este factor en la distribución de esta especie. Se cultivaron genotipos de siete poblaciones con exclusión (-UV-B) y suplementación (+UV-B) de UV-B solar, este último tratamiento simuló los niveles registrados a mayor altitud en la RNV. El tratamiento +UV-B indujo cambios en la morfología foliar (reduciendo la expansión y aumentando el espesor), y un aumento significativo en la acumulación de compuestos fenólicos (45 %), mecanismos que permitieron aliviar el daño oxidativo sin afectar la acumulación de clorofilas ni la producción de tubérculos. El hecho de que el tratamiento de +UV-B no haya afectado el desarrollo del órgano de reproducción asexual de esta especie, indicaría que este factor no limitaría el desplazamiento de las poblaciones hacia sitios de mayores niveles de UV-B.

## GPE 29

**ESTUDIO DE DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY DE LOS CAMPOS DEL NORESTE ARGENTINO**Goncalves A.L.<sup>1,2,3</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2,3</sup>, M.V. García<sup>1,2,3</sup>.<sup>1</sup>Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical (UNAM-CONICET). <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

E-mail: alej.gonc@gmail.com

La ecorregión Campos y Malezales se ubica en el Noreste Argentino presentando pajonales y pastizales salpicados por isletas de bosques. La distribución del curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) en esta ecorregión ha sufrido un fuerte impacto antrópico. Para caracterizar la diversidad genética, determinar la estructura y analizar la distribución de la variación genética nuclear de las poblaciones naturales de curupay de los campos del Noreste Argentino se analizaron siete loci SSR nucleares en individuos provenientes de tres poblaciones naturales. 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 de fijación FST. Las poblaciones presentaron elevada diversidad genética. Los individuos fueron asignados a tres grupos en coincidencia con su población de origen. Las poblaciones Candelaria y Santa Ana presentaron elevado número de alelos compartidos, lo cual indicaría presencia de flujo génico y/o una dinámica histórica compartida entre estas poblaciones, en tanto que los individuos de Santa Tecla fueron asignados a un grupo con elevado número de alelos únicos, lo cual podría deberse a una interrupción del flujo génico o a una colonización reciente. El mayor porcentaje de variación estuvo contenido dentro de los individuos (75,6 %) y el índice de fijación FST=0,10 (p<0,05) indicó estructuración genética moderada entre las poblaciones.

## GPE 30

**NIVELES DE PLOIDÍA EN POBLACIONES NATURALES DE *Paspalum cromyorrhizon* TRIN. EX DÖLL. (POACEAE)**Reutemann A.V.<sup>1</sup>, J.R. Daviña<sup>2</sup>, D.H. Hojsgaard<sup>3</sup>, E.J. Martínez<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET-UNNE). <sup>2</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal (IBS-CONICET-UNaM), Nodo Posadas, Universidad Nacional de Misiones. <sup>3</sup>Albrecht-von-Haller Institute of Plant Sciences, Department of Systematics, Biodiversity and Evolution of Plants, Georg-August-University of Göttinge. E-mail: vreutemann@gmail.com

*Paspalum cromyorrhizon* Trin. Ex Döll pertenece al grupo Notata del género *Paspalum* y está presente en campos bajos y húmedos, sobre los márgenes de ríos y arroyos a lo largo del Sur de Brasil, Uruguay y Nordeste de Argentina. Tres poblaciones naturales de *P. cromyorrhizon* de Corrientes, Argentina (Honfi 1732, 1733, 1735), fueron analizadas por su nivel de ploidía y cariotipo. Se colectaron entre 20 a 31 individuos por población a una distancia mínima de 2 m entre plantas. El recuento cromosómico se realizó mediante tinción clásica de Feulgen. En el análisis cariotípico de los individuos tetraploides se consideraron los cromosomas por separado, para luego determinar si formaban pares o cuartetos. Dos de las poblaciones (H1733 y H1735) están constituidas únicamente por individuos tetraploides ( $2n=2x=40$ ) y la restante (H1732) es una población mixta, constituida tanto por individuos diploides ( $2n=2x=20$ ) como tetraploides. El citotipo diploide de *P. cromyorrhizon* presenta un cariotipo compuesto por 20 cromosomas metacéntricos, mientras que los citotipotetraploides en las tres poblaciones, tienen un cariotipo compuesto por 40 cromosomas metacéntricos que se agrupan en cuartetos. La longitud total del complemento cromosómico en diploides es de 32,5  $\mu\text{m}$  y en tetraploides de 63,5  $\mu\text{m}$ . La coexistencia de niveles de ploidía y la proporción de  $2x-4x$  es una condición variable en las poblaciones naturales de la especie. El análisis de los cariotipos confirma el origen autopolioides propuesto para los tetraploides.

## GPE 31

## VARIACIÓN DEL MHC EN DOS ESPECIES DE ROEDORES SUBTERRÁNEOS CON HISTORIAS DEMOGRÁFICAS CONTRASTANTES

Cutrera A.P.<sup>1</sup>, M.S. Mora<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMyC, CONICET), Universidad Nacional de Mar del Plata.

E-mail: msmora@mdp.edu.ar

Los genes del complejo principal de histocompatibilidad (MHC) codifican para moléculas involucradas en la identificación y presentación de péptidos extraños al sistema inmune, siendo sus altos niveles de polimorfismo atribuibles a la selección balanceadora. Aquí comparamos los patrones y niveles de variación del exón 2 de gen DRB (MHC/clase II) y de la región control del ADNmt (Dloop) en las especies de roedores subterráneos *Ctenomys talarum* y *C. australis*. Si bien estas especies han atravesado historias demográficas contrastantes, existe evidencia de polimorfismo trans-específico en el género, sugiriendo la acción de selección balanceadora sobre DRB. Para *C. australis* (distribución completa) se evidenció mayor estructuración para DRB que para Dloop (FSTs pareados/AMOVAs), sugiriendo la acción de selección local sobre el MHC. A diferencia de Dloop, DRB mostró una correlación significativa entre los FSTs pareados y la distancia geográfica ( $r=0,53$ ,  $P<0,05$ ). No se encontró evidencia de selección positiva sobre DRB (CODEML/PAML). Por el contrario, *C. talarum* (distribución completa) mostró mayor estructuración de la diversidad neutral, ausencia de correlación entre el nivel de estructuración de ambos genes y la distancia geográfica, pero correlación significativa entre los niveles de estructuración de dichos loci ( $r=0,4$ ,  $P<0,01$ ). CODEML detectó señales significativas de selección positiva sobre DRB para esta especie. Se discute el rol del tamaño efectivo, el flujo génico y el marco temporal de la selección sobre el modelado de la variación funcional en poblaciones naturales.

## GPE 32

## ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Oligoryzomys longicaudatus* (RODENTIA, CRICETIDAE) A DIFERENTES ESCALAS GEOGRÁFICAS EN LA PATAGONIA ARGENTINA

Ortiz N.<sup>1</sup>, R.E. González Ittig<sup>1</sup>, F. Polop<sup>2</sup>, V. Andreo<sup>2</sup>, M.C. Provencal<sup>2</sup>, J. Polop<sup>2</sup>, C.N. Gardenal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Diversidad y Ecología Animal, CONICET-Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. <sup>2</sup>Departamento de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba.

E-mail: natalia\_ortizo5@hotmail.com

El roedor *O. longicaudatus* habita bosques y arbustales al este de los Andes en el sur de la Argentina. Estudios previos con ADN mitocondrial revelaron baja diferenciación genética entre poblaciones. En este trabajo se analiza la estructura genética de esas poblaciones a dos escalas geográficas empleando 8 loci de microsatélites, marcadores más sensibles a procesos microevolutivos actuales como la dispersión. Las escalas fueron: 1) Regional: Junín de los Andes (Neuquén), Bariloche, El Bolsón (Río Negro), Leleque (estepa patagónica, Chubut) y El Cajón (valle andino-patagónico, Cholila, Chubut) y 2) De paisaje: El Rincón, El Cajón, El Blanco y Villa Lago Rivadavia (valles de Cholila, Chubut) y Leleque. A escala regional el estadístico FST reveló diferenciación moderada entre poblaciones, con ausencia de un patrón de aislamiento por distancia. Análisis con métodos bayesianos mostraron mayores niveles de estructuración que el sugerido por los estudios con ADNm. A escala de paisaje, los valores de FST oscilaron entre 0,01 y 0,1. Los programas Structure y Geneland detectaron 4 y 5 grupos genéticos respectivamente. Sin embargo, poblaciones muy cercanas presentaron composición genética disímil. Las tasas actuales de migración entre poblaciones, estimadas con BayesAss, fueron asimétricas con dirección centrífuga y fluctuaron entre 0,02 y 0,2. El flujo génico estaría restringido por la presencia de barreras locales tales como ríos, rutas, lagos, etc. Se realizarán estudios tendientes a correlacionar la diferenciación genética observada con elementos del paisaje.

## GPE 33

**MORFOMETRÍA ALAR EN *Anastrepha ludens* CON RELACIÓN A SU DISPERSIÓN**

Gómez Cendra P.V.<sup>1,2</sup>, S. Szpilbarg<sup>1,2</sup>, M.E. Utgés<sup>3</sup>, P. Liedo Fernández<sup>4</sup>, J.C. Vilardi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, CONICET, Argentina. <sup>3</sup>Centro Nacional de Diagnóstico e Investigación en Endemo-epidemias (CeNDIE), Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de la Salud (ANLIS). <sup>4</sup>El Colegio de la Frontera Sur, Chiapas, Mexico.  
E-mail: paugomez@ege.fcen.uba.ar

*Anastrepha ludens*, la mosca mexicana de la fruta, es una especie plaga nativa de América del Norte que ataca cultivos frutales, fundamentalmente mango y cítricos. Para su control se aplica un manejo integral que incluye la técnica del insecto estéril (TIE). Esta metodología requiere información sobre la biología de la especie. Uno de los parámetros relevantes es la capacidad de dispersión de los individuos estériles liberados en la TIE, así como el radio de vuelo que pueden lograr en la naturaleza los individuos silvestres. Se ha propuesto que la dispersión podría estar relacionada con el tamaño y forma del ala, que están determinados principalmente por la genética aunque pueden verse influidos por las condiciones de cría. El objetivo de este trabajo fue analizar la relación entre dos caracteres (largo y ancho de ala) y la movilidad de los insectos. En un huerto de Tapachula, México, se realizó un experimento de liberación a partir de un punto central y recaptura con trampas McPhail en círculos concéntricos alrededor de dicho punto. Se midieron las alas de las moscas capturadas en cada trampa y mediante un análisis bayesiano con el programa Geneland se detectaron dos grupos con distinto patrón de distribución espacial y diferenciados significativamente a nivel morfométrico. Estas diferencias se confirmaron a través de un MANOVA. Aunque la distancia promedio de dispersión no difiere entre los grupos, el patrón de dispersión dependería del fenotipo. Estos análisis contribuirían a predecir la distribución que alcanzarían los individuos estériles liberados en la TIE.

## GPE 34

**ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA Y DE LA VIABILIDAD DE LAS SEMILLAS DE LOS CITOTIPOS DE UNA POBLACIÓN DIPLOIDE-TETRAPLOIDE DE *Turnera sidoides***

Mola Moringa N.S.<sup>1</sup>, E.M.S. Moreno<sup>1,2</sup>, I.E. Kovalsky<sup>1,2</sup>, G. Robledo<sup>1,2</sup>, V.G. Solís Neffa<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Corrientes, Argentina. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agrimensura (UNNE).  
E-mail: nataliamoringa@hotmail.com

La poliploidía es un proceso dinámico que presenta dos estadios claves: el origen y el establecimiento de los poliploides. La adquisición de características nuevas como resultado de la poliploidización sería fundamental para el establecimiento de los neopoliploides. Sin embargo, los poliploides pueden presentar algunas características que reducen su capacidad adaptativa. A fin de contribuir a la comprensión de los mecanismos de establecimiento de los autopoliploides, se empleó a *Turnera sidoides* ( $x=7$ ) como modelo biológico para analizar las diferencias en variabilidad genética y en la viabilidad de las semillas entre diploides y poliploides provenientes de una población mixta diploide-tetraploide. El análisis espacial demostró que los citotipos se distribuyen en parches  $2x$ ,  $2x-3x$ ,  $2x-3x-4x$ ,  $3x-4x$  o  $4x$ . Asimismo, el análisis de la variabilidad genética empleando marcadores moleculares (RAPD) reveló que los diploides poseen mayor variabilidad que los triploides y tetraploides y, en consecuencia, los parches  $2x$  respecto de los parches mixtos y los  $4x$ . Además, se detectó un mayor número de semillas inviables en los tetraploides y en los diploides de los parches mixtos respecto de los diploides de parches puros. La menor variabilidad genética de los tetraploides sugiere que los mismos se habrían establecido a partir de poblaciones con un tamaño efectivo bajo. Por otra parte, las semillas inviables serían semillas híbridas resultantes de cruzamientos intercitotipo, por lo que el establecimiento de los neopoliploides sería limitado como resultado de la exclusión competitiva.