

GV 1

## EXPRESIÓN DE BARRERAS REPRODUCTIVAS PRECIGÓTICAS EN UNA INTRODUCCIÓN DE LA PAPA SILVESTRE *Solanum chacoense* Bitter, EVALUADA EN TRES AMBIENTES

Poulsen Hornum A.<sup>1</sup>, E.L. Camadro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP) y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.  
Email: camadro.elsa@inta.gov.ar

Las papas silvestres son en su mayoría diploides y alógamas obligadas. En la naturaleza, están separadas por barreras reproductivas que actúan entre y dentro de poblaciones. Las barreras pre- y poscigóticas pueden disminuir el número efectivo de plantas progenitoras y la diversidad alélica de una generación a la siguiente. El control genético de las barreras pre-cigóticas (incompatibilidad polen-pistilo) es, aparentemente, simple. Para evaluar si en el proceso de regeneración de semilla *ex situ* la expresión de esta barrera está influenciada por el ambiente, se analizó viabilidad de polen y relaciones polen-pistilo por microscopía de luz UV en una introducción de *S. chacoense* Bitter ( $2n=2x=24$ ) del Banco de Germoplasma de Papa, INTA Balcarce. Para ello, se cultivaron plantas de semilla en tres temporadas ( $t_1=2013/14$ ,  $t_2=2014/15$ ,  $t_3=2015/16$ ), y se registraron valores máximos (máx.) y mínimos (mín.) de temperaturas máximas. La viabilidad promedio del polen fue, respectivamente, 82,3 %, 78,1 % y 78,5 %. Las 93, 51 y 53 combinaciones genotípicas analizadas se clasificaron en compatibles, parcialmente compatibles, e incompatibles según relación polen-pistilo y n° de semillas/fruto. Los porcentajes de combinaciones en cada categoría fueron similares para  $t_1$  y  $t_3$  (máx.= 40,2 °C vs. 40,7 °C; mín.= 20,8 °C vs. 22,2 °C), pero difirieron para  $t_2$  (máx.= 31,6 °C; mín.= 13,0 °C); siendo la mitad o más incompatibles. Las diferencias observadas entre  $t_1$  y  $t_3$  vs.  $t_2$  pueden deberse a los genotipos involucrados en los cruzamientos y/o a efectos ambientales sobre la expresión de los genes de incompatibilidad.

GV 2

## DISTRIBUCIÓN CONTEMPORÁNEA DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY Y SU POSIBLE RELACIÓN CON VARIABLES CLIMÁTICAS ACTUALES

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, Argentina.  
Email: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

La influencia del clima actual sobre la estructura genética poblacional posiciona al ambiente como agente causal de los patrones intraespecíficos. Se exploró la relación entre caracteres fenotípicos y variables climáticas para entender los patrones de variabilidad fenotípica en poblaciones de *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (curupay). Se estudiaron individuos provenientes de cuatro poblaciones, dos del núcleo Misiones y dos del núcleo Pedemontano Subandino de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales. Se midieron 13 caracteres fenotípicos (ocho vegetativos y cinco reproductivos) y se incluyeron siete variables climáticas (Bioclim). Se aplicaron técnicas de análisis multivariado para ilustrar la diferenciación entre los individuos y establecer el carácter más relevante asociado con la distribución de la variabilidad. Se realizaron regresiones múltiples para analizar la relación entre los caracteres y las variables climáticas. Se definieron tres grupos principales resultando los caracteres reproductivos más relevantes en la discriminación. La temperatura mínima del mes más frío fue incluida en todos los modelos de regresión lineal múltiple pudiendo ser las diferencias en los valores fenotípicos consecuencia de adaptación local. Los individuos del núcleo Pedemontano Subandino presentaron valores mayores para los caracteres reproductivos y los del núcleo Misiones para los vegetativos. Además, el carácter Número de Semilla por Fruto podría considerarse indicador para el desarrollo de estrategias de conservación por explicarse su variación sólo con la temperatura mínima.

## GV 3

**EVOLUTION OF GENES INVOLVED IN REPRODUCTIVE ISOLATION AMONG *Petunia* SPECIES**

Hartke S.<sup>1</sup>, C. Turchetto<sup>1</sup>, V.N.L. Flores<sup>1</sup>, L.B. Freitas<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratory of Molecular Evolution, Department of Genetics, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil.  
Email: sarahartke@gmail.com

*Petunia* is a young genus endemic from South America that has undergone adaptive radiation during the Pleistocene. With different colours and shapes of flowers, the *Petunia* species have bees, moths, or hummingbirds as pollinators. Flower color is important to attract pollinators and changes in this trait may play a role in speciation. Flavonoids are major secondary metabolites in plants that provide a wide variety of pigments and in their biosynthesis, the enzymes flavonol synthase (FLS) and dihydroflavonol-4-reductase (DFR) compete for common substrates to form flavonols or anthocyanins, respectively. It was demonstrated that expression of *FLS* and *DFR* genes mutually suppresses transcription of the other gene, directing the development of white *vs.* red flower color in *P. hybrida*. In the present work, coding sequences of *PhFLS* and *PhDFR* were employed to proceed an *in silico* search for homologs in transcriptome of three *Petunia* wild species with different flower colors and pollinators. Phylogenetic analysis using *PhFLS* or *PhDFR* and putative orthologs found in those species showed that sequences from *P. axillaris* and *P. exserta* clustered together with *P. hybrida* genes, while sequences from *P. integrifolia* form other clades. These topologies agreed with the species phylogeny. Therefore, we used *FLS* and *DFR* to design CAPS to genotype individuals in the contact zone between *P. axillaris* and *P. exserta* aiming to investigate the occurrence of hybrids. Furthermore, we will analyze *FLS* and *DFR* expression in attempting to explain the flower color variation observed in the contact zone.

## GV 4

**GENETIC AND BREEDING STRUCTURE IN A HUMMINGBIRDS-POLLINATED *Petunia exserta* (SOLANACEAE)**

Turchetto C.<sup>1</sup>, M. Reck-Kortmann<sup>1</sup>, L.B. Freitas<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratory of Molecular Evolution, Department of Genetics, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil.  
Email: carolineturchetto@gmail.com

The *Petunia* Juss. (Solanaceae) grow in South American grasslands and comprises 14 wild and one commercial species. The closely related *P. exserta* and *P. axillaris* occur in sympatric distribution and putative hybrids have been observed. These species are morphologically different, while *P. axillaris* has white corolla and is hawkmoth-pollinated, *P. exserta* has red corolla and is hummingbird-pollinated. Despite sympatry and hybridization, these species are partially isolated in adjacent microhabitats: *P. exserta* plants grow only inside shelters on sandstone towers, protected from rain and sunlight, and *P. axillaris* individuals grow in open and sunny habitats. The main goal here is to understand the evolutionary process involved in reproductive isolation and speciation. We sampled 348 adult individuals of *P. exserta* and 252 of *P. axillaris* on sympatric zone and 18 open-pollinated (303 seedlings) of *P. exserta*. Genetic analyses were conducted based on eight microsatellite markers. Bayesian clustering showed two groups corresponding to each species, and some individuals in both species presented mixed ancestry. A substructure appeared when three clusters were analysed with the same individuals presenting mixed ancestry. We observed bi-directional gene flow between species and two groups were obtained for *P. exserta* individuals analysed alone. In paternity analysis, we identified both parents among sampled individuals in 5–27 % of progeny. Furthermore, we will include more seedlings and statistical analyses.

GV 5

### HYBRID IDENTIFICATION AND GENETIC DIVERSITY IN *Petunia axillaris* COMPLEX

Giudicelli G.C.<sup>1</sup>, C. Turchetto<sup>1</sup>, L.B. Freitas<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Evolução Molecular, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.  
Email: gigiudicelli@hotmail.com

*Petunia* Juss. (Solanaceae) comprises 14 species that occur exclusively on southern South America and is worldwide known through *P. hybrida*, a commercial and ornamental hybrid. *Petunia axillaris* is a wide distributed species with three known subspecies differentiated by morphological traits: *P. a. axillaris*, *P. a. parodii*, and *P. a. subandina* that belong to the same clade but not as sisters groups. In general, *P. a. axillaris* and *P. a. parodii* do not occur in sympatry but intermediate morphs between them could be found in Uruguay and Brazil, suggesting gene flow between these subspecies in a potential secondary contact zone. Our aim is to evaluate the genetic diversity of the putative hybrids and determine their origin based on the genetic profile and morphological characterization. Until now, we genotyped 14 microsatellite *loci* in 41 individuals and other individuals are being evaluated for further analysis. Our preliminary results showed that the putative hybrids are genetically closer to *P. a. axillaris*, but some individuals share genetic components with *P. a. parodii*, despite the intermediate morphology. We also found that *P. a. parodii* presents three different genetic components that are shared with the other subspecies and these three groups are probably associated to ecological constrains.

GV 6

### EXPRESIVIDAD DE LA AOSPORÍA EN HÍBRIDOS DIPLOIDES Y EN AUTOTETRAPLOIDES SINTÉTICOS DE *Paspalum rufum*

Delgado L.<sup>1</sup>, M.E. Sartor<sup>2</sup>, F. Espinoza<sup>2</sup>, M. Soliman<sup>2</sup>, F. Galdeano<sup>2</sup>, J.P.A. Ortiz<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR) CONICET-UNR, Facultad de Cs. Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE) CONICET-UNNE, Facultad de Cs. Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina.  
Email: luciana.delgado@conicet.gov.ar

*Paspalum rufum* Nees es un clásico ejemplo de las especies multiploides del género *Paspalum*. Las poblaciones naturales están formadas principalmente por el citotipo diploide ( $2n=2x=20$ ) sexual y altamente auto-incompatible y el tetraploide ( $2n=4x=40$ ) apomítico, pseudógamo y autocompatible. El objetivo de este trabajo fue analizar la aposporía (un componente de la apomixis gametofítica) en híbridos diploides y en autotetraploides inducidos por colchicina. Se creó una población  $F_1$  cruzando dos individuos diploides (R6#45 x R5#49) que presentan 5,8 % y 13 % de sacos apospóricos respectivamente. Además, se obtuvieron dos autotetraploides sintéticos mediante el tratamiento de semillas provenientes del progenitor R6#45. La expresividad de la aposporía fue estimada por la observación de sacos apospóricos en antesis. Los análisis revelaron que 38 de 39 híbridos analizados mostraron sacos apospóricos. La expresividad del carácter abarcó un rango de 0-36 %. Algunos individuos presentaron mayor expresividad de la aposporía que los genotipos parentales con proporciones similares a los autotetraploides sintéticos (25 % y 31 %). Ambos valores son significativamente mayores que los observados en la planta R6#45. Los resultados presentados en este trabajo revelan una alta variabilidad de la expresividad de la aposporía en híbridos diploides y sugieren que el carácter está controlado por más de un alelo. Además, las nuevas plantas autotetraploides inducidas confirman que la expresividad de la aposporía es altamente dependiente del nivel de ploidía.

GV 7

## MORFOLOGÍA, PLOIDÍA, VIABILIDAD POLÍNICA Y COMPATIBILIDAD SEXUAL EN UNA POBLACIÓN DE PAPAS SILVESTRES DE TUCUMÁN (ARGENTINA): COMPARACIÓN DE DOS AÑOS

Leofanti G.A.<sup>1,2</sup>, M. Díaz<sup>1</sup>, L.E. Erazzú<sup>3</sup>, E.L. Camadro<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada, Facultad de Ciencias Agrarias (UNMdP)- INTA, Balcarce. <sup>2</sup>CONICET. <sup>3</sup>INTA, Famaillá, Argentina.  
Email: camadro.elsa@inta.gob.ar

Las papas silvestres (*Solanum* spp.) presentan series poliploides ( $2x-6x$ ;  $x=12$ ), reproducción sexual y asexual, autoincompatibilidad gametofítica e incompatibilidad cruzada. Para conservación y uso, comenzó a estudiarse una población espontánea en Tucumán, en dos años. Se definieron once áreas de 70 x 70 cm, separadas por 2-10 m. Por área, se cosecharon 2-31 frutos en el 1er año y 20 tubérculos en el 2do, por ausencia de plantas. En invernáculo, se cultivó una población de cada año (P1= 2013 y P2= 2014). Se registraron ploidía, morfología y viabilidad de polen, y se realizaron cruzamientos controlados, estudiándose las relaciones polen-pistilo en microscopio. Se utilizó análisis multivariado de componentes principales para los datos morfológicos. Todas las plantas fueron 2x, y no se agruparon según disposición en el sitio. Florecieron 36 de 88 plantas de P1 y las 105 plantas de P2. La viabilidad del polen varió entre 44,6 y 93,5 % ( $\bar{X}= 77,2$  %) en P1 y entre 51,5 y 98,1 % ( $\bar{X}= 86,5$ %) en P2. En cruzamientos entre y dentro de grupos en P1 se observaron, respectivamente, 56,3 % y 60 % compatibles, y 43,7 % y 40 % incompatibles, obteniéndose 15 frutos (10 con semillas). En P2, en cruzamientos entre y dentro de grupos se observaron, respectivamente, 21,6 % y 0 % compatibles, y 78,3 % y 100 % incompatibles (principalmente en el 1er tercio del estilo), obteniéndose 106 frutos (46 con semillas). La compatibilidad sexual en la población depende del modo de reproducción preponderante cada año. Es necesario, por eso, muestrear un mismo sitio de colección para conservar adecuadamente la diversidad genética.

GV 8

## CHLOROPLAST REGIONS SELECTION FOR PHYLOGEOGRAPHIC STUDIES IN *Manihot orbicularis* POHL (EUPHORBIACEAE)

Silva Freitas M.<sup>1</sup>, N.M. Esther<sup>1</sup>, K.M. Corrêa<sup>1</sup>, L. Tavares<sup>1</sup>, M.J. da Silva<sup>1</sup>, T.N. Soares<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genetics and Biodiversity Laboratory, Institute of Biological Sciences, Federal University of Goiás, Goiânia, Goiás, Brazil.  
Email: tnsoares@gmail.com

The studies in phylogeography allow us to understand the demographics and historical gene flow of a species. The genus *Manihot* belongs to a Euphorbiaceae family and presents a recent diversification in the South American continent. The specie *M. orbicularis* is endemic to the cerrado biome with distribution restricted to the state of Goiás, Brazil. The objective of this study was to select informative polymorphic chloroplast regions for conducting phylogeographic studies with the species *M. orbicularis*. Therefore, 20 pairs of primers were tested: 16 chloroplast regions and 4 nuclear regions. The amplification tests by polymerase chain reaction (PCR) were realized with annealing temperatures between 46 °C to 58 °C. The presence of PCR products was verified in agarose gel 1 % dyed with ethidium bromide. After, the PCR products with good quality were submitted to the DNA automated analyzer ABI3500. The quality of the obtained sequences was verified using the software Sequence Analysis v.6. Subsequently, edited and aligned using the software SeqScape v.3. As a result, of the 16 chloroplast primer pairs tested, 8 showed good amplification products: rpS16, E+F(Taberlet), C+D(Taberlet), A+B(Taberlet), trnC/ycf6, S12/L20, psbA/trnH(B), rpL32F/trnL, with the last 4 with polymorphic regions. Among the 4 pairs of nuclear primers tested, 2 obtained successful amplification: ITS101/102 and ITS75/92, both showed polymorphic sites. In conclusion, this study allowed us to provide polymorphic and informative markers for future studies of phylogeography with the species *M. orbicularis*.

GV 9

## CRUZAMIENTOS INTRAESPECÍFICOS REVELAN LA DISOCIACIÓN DE LA AOSPORÍA Y PARTENOGÉNESIS EN *Paspalum rufum*

Espinoza F.<sup>1</sup>, F. Galdeano<sup>1</sup>, M.E. Sartor<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Instituto de Botánica del Nordeste-CONICET, Corrientes, Argentina.  
Email: espinoza@agr.unne.edu.ar

*Paspalum rufum* es una especie que presenta citotipos diploides ( $2n=2x=20$ ) sexuales (S) y tetraploides ( $2n=4x=40$ ) apomíticos (A). Estudios recientes revelaron que los óvulos de plantas diploides pueden eventualmente formar, junto al saco meiótico (haploide), sacos embrionarios apospóricos ( $2n$ ). Artificialmente a partir de una de estas plantas diploides se obtuvo un autotetraploide apomítico facultativo altamente autoincompatible (AP). El objetivo fue analizar el origen de la descendencia del autotetraploide inducido *P. rufum*. Se realizaron cruzamientos entre el citotipo inducido 4x-AP Q4082, parental femenino y el citotipo 2x-S Q4302, parental masculino. Se polinizaron 4.478 flores y se lograron 83 espiguillas con cariopses (1,85 %). Parte de estos cariopses fueron analizados por citometría de flujo, estimándose el contenido de ADN en células del embrión y del endospermo. El 76,2 % tenían embriones 3x [saco meiótico ( $n=2x$ ) + fecundación ( $n=x$ )] y endospermo 5x ( $2x+2x+x$ ), mientras que el 23,8 % restante contenía embriones 5x [saco apospórico ( $n=4x$ ) + fecundación ( $n=x$ )] y endospermo 9x ( $4x+4x+x$ ). Otra parte de los cariopses (35) fueron sembrados en tierra estéril. El análisis de ploidía reveló que 3 individuos fueron 5x y 10 3x. La planta autotetraploide inducida de *P. rufum* tiene una importante expresión de la aposporia. Sin embargo, la partenogénesis no se expresa, originando descendientes por fecundación, tanto en sacos embrionarios meióticos como en apospóricos. Los controles de los procesos de aposporia aparecen disociados de los que controlan la partenogénesis.

GV 10

## CHLOROPLAST REGIONS FOR PHYLOGEOGRAPHY STUDY WITH *Pterodon emarginatus* VOGEL (FABACEAE)

Tavares L.C.<sup>1,2</sup>, N. Esther<sup>1,2</sup>, K. Correa<sup>1,2</sup>, M. Freitas<sup>1,2</sup>, M. Telles<sup>1,2</sup>, T. Soares<sup>1,2</sup>, J. Kuramoto<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal de Goias. <sup>2</sup>Laboratorio de Genética e Biodiversidade, Brazil.  
Email: lctavares1@cougars.ccis.edu

*Pterodon emarginatus* Vogel (Fabaceae), popularly known as sucupira-branca is an important native specie that has big economic potential due to his pharmaceutical properties. *P. emarginatus* shows large distribution in Brazil and part of the South American continent. Therefore, the purpose of this work was getting chloroplast DNA sequence (cDNA) who are useful for phylogeography studies of *P. emarginatus*. Thus, 15 pair of primers that amplify chloroplast intergenic regions were tested using 4 individuals. For the polymerase chain reaction (PCR) were used annealing temperatures between 46-56 °C. The presence of PCR products was verified in agarose gel 1.5 % dyed with ethidium bromide. The PCR products visualized and with good quality in agarose gel were analyzed using the DNA automatic analyzer ABI3500. The sequences quality was verified using the software Sequence Analysis v.6. After, the sequences edition and alignment were lead using the software SeqScape v.3. The pair of primers that successfully amplified products showed with good quality sequence were analyzed using 8 individuals to verify the presence of polymorphism. As a result, 5 pairs of primers showed PCR products with good quality. However, just 3 presented polymorphic regions: psbA-trnH, trnS-trnG and trnC-ycf6. The level of polymorphism exhibited by the chloroplast markers is satisfactory. However, it was less than found in other species of plants. Consequently, the search for polymorphic nuclear regions is a step that can lead to informative markers for performing studies with the species *P. emarginatus*.

GV 11

### EL ORIGEN DE LA POLIPLOIDÍA EN *Paspalum stellatum* HUMB. AND BONPL. EX FLÜGGÉ (POACEAE, PANICOIDEAE, PASPALLEAE)

Bonasora M.G.<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>2</sup>, G.H. Rúa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad de Buenos Aires, Facultad de Agronomía, Cátedra de Botánica Sistemática. <sup>2</sup>IBS, UnaM-CONICET, Argentina.  
Email: bonasora@agro.uba.ar

El género *Paspalum* comprende unas 350 especies. Su sistema reproductivo es complejo, incluyendo citotipos diploides sexuales y tetraploides apomícticos, y especies de origen híbrido. Los niveles de ploidía van de  $2x$  a  $16x$ , y las especies formadas exclusivamente por diploides sexuales son raras. *Paspalum stellatum* es una especie distribuida en América tropical y comprende citotipos diploides ( $2n=2x=20$ ) y una inusual serie poliploide con  $2n=32$ ,  $2n=44$  y  $2n=52$ . El material con  $2n=32$  se comporta como anfiploide, con meiosis regular y formación de 16 bivalentes. Un análisis filogenético basado en cpDNA confirma la relación de *P. stellatum* con *P. eucomum*, y sugiere una relación por vía materna con especies del grupo "Notata". Por otra parte, *P. schesslii*, con número cromosómico  $2n=12$ , se postula como uno de los parentales que dio origen a los citotipos poliploides de *P. stellatum*. El objetivo de nuestro trabajo fue esclarecer las relaciones genéticas y filogenéticas de *P. stellatum* y especies afines usando diferentes herramientas clásicas y moleculares. Los resultados obtenidos indican: (1) que el citotipo  $2n=32$  tiene reproducción sexual, mientras que los citotipos  $2n=44$  y  $2n=52$  presentan meiosis irregular y sacos embrionarios apomícticos; (2) que los citotipos poliploides de *P. stellatum* tendrían al menos dos orígenes independientes, en Brasil y en Bolivia; y (3) que los marcadores moleculares analizados son consistentes con la hipótesis de un origen híbrido que involucra a *P. schesslii* como uno de los parentales.

GV 12

### DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA ESPECIE ENDÉMICA CHILENA ALGARROBILLA (*Balsamocarpon brevifolium* CLOS) UTILIZANDO MARCADORES DE MICROSÁTELITES

Ravest G.<sup>1</sup>, J. Hernández<sup>2</sup>, M.H. Castro<sup>1</sup>, J. Morales<sup>1</sup>, G. Bolados<sup>2</sup>, S. Silva<sup>2</sup>, P. León<sup>2</sup>, P. Hinrichsen<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INIA La Platina. <sup>2</sup>INIA Intihuasi. Chile.  
Email: gravest82@gmail.com; phinrichsen@inia.cl

La algarrobilla (*Balsamocarpon brevifolium* Clos) es un arbusto endémico de distribución restringida a las regiones de Atacama y Coquimbo, en el Norte de Chile. En el pasado sus frutos fueron utilizados en curtiembre por su alto contenido de taninos, e históricamente ha sido explotado para la producción de carbón. Esto ha llevado a un uso indiscriminado del recurso, habiendo sido declarada vulnerable a la extinción. En la actualidad no hay información sobre la diversidad genética que permitan comparar diferentes poblaciones de la especie, con miras a definir estrategias para su conservación. Utilizando secuencias de una genoteca de ADN genómico enriquecido en secuencias repetidas, se identificaron 430 secuencias de tipo microsátelites. En este trabajo se muestran los primeros 13 marcadores de microsátelites analizados en 275 accesiones recolectadas de 96 localidades de las regiones indicadas. Estos marcadores presentaron un alto polimorfismo con un promedio de 7,6 alelos por marcador y una heterocigosidad esperada de 0,77. El desarrollo de estos marcadores y el análisis conjunto de estos en las accesiones de algarrobilla permitirá analizar el grado de diversidad genética de esta especie. Este estudio fue financiado por Compañía Minera Nevada (Barrick) y es parte del plan de Manejo Medioambiental para el uso sustentable de formaciones xerofíticas (Ley 20.283).

GV 13

### ESTIMACIÓN DEL CONTENIDO DE ADN EN LA TRIBU LEUCOCORYNEAE (AMARYLLIDACEAE)

Sassone A.<sup>1</sup>, A. Lopez<sup>1</sup>, L. Giussani. <sup>1</sup>IBODA (ANCEFN-CONICET). Argentina.

Email: asassone@darwin.edu.ar

La tribu Leucocoryneae comprende 6 géneros: *Beauverdia* (4 sp.), *Ipheion* (3 sp.), *Latace* (2 sp.), *Leucocoryne* s. l. (15 sp.), *Nothoscordum* (ca. 20 sp.) y *Tristagma* (ca. 12 sp.). Desde hace varias décadas, se conocen los números cromosómicos de algunas de las especies, evidenciando una gran variación en el número básico, conformación del cariotipo, y tamaño de los cromosomas, tanto entre los géneros, como dentro de los mismos (e.g. *Nothoscordum*). Estos reportes han dado lugar a diversas hipótesis sobre los eventos de fisión y fusión cromosómica para explicar las variaciones observadas. Con el fin de conocer el contenido total de ADN, se analizó tejido foliar, utilizando yoduro de propidio (IP) con un Citómetro de Flujo del tipo PARTEC. Se analizaron individuos pertenecientes a 17 especies de cinco géneros de la tribu Leucocoryneae. Se observó variación en el contenido total de ADN entre los géneros y especies analizadas: *Beauverdia* entre 23 y 52,2 pg; *Ipheion* entre 19,3 y 37,3 pg; *Latace* andina 37,5 pg. (única sp. del género representada); *Nothoscordum* entre 33,6 y 84,6 pg; y *Tristagma* entre 30,5 y 35,6 pg. Estos valores serán evaluados sobre una hipótesis filogenética para la tribu Leucocoryneae junto con los números cromosómicos conocidos.

GV 14

### PREDICCIÓN DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS EN EL TRANSCRIPTOMA DE NOVO DE BROTES DE IBIRAPITÁ

Rodríguez-Decuadro S.<sup>1,2</sup>, G. Cecchetto<sup>2</sup>, P. Smircich<sup>3,4</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UdelaR. <sup>2</sup>Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias-Facultad de Química, UdelaR. <sup>3</sup>Departamento de Genética, Facultad de Medicina, UdelaR. <sup>4</sup>Laboratorio de Interacciones Moleculares, Facultad de Ciencias, UdelaR. Uruguay. Email: surodriguez9@gmail.com

Las plantas producen una amplia gama de moléculas que les permiten inhibir el crecimiento de microorganismos patógenos. Entre estos compuestos, se destacan los péptidos antimicrobianos (AMPs-*antimicrobial peptides*), defensinas, tioninas, esnaquinas, proteínas de transferencia de lípidos y ciclótidos, componentes fundamentales del sistema inmune. La actual accesibilidad de las tecnologías de secuenciado masivo permite encontrar genes que codifiquen péptidos novedosos en los transcriptomas de especies nativas, donde este tipo de moléculas ha sido poco explorado a pesar de que la diversidad genética es más abundante. El objetivo de este trabajo fue identificar nuevos AMPs en una leguminosa nativa de nuestro país, para la cual no contamos con una secuencia genómica disponible. Para ello, se buscaron secuencias similares a AMPs en el transcriptoma de brotes de ibirapitá. A partir de datos de RNA-seq, obtenidos usando la plataforma Illumina HiSeq2000, se realizó un ensamblado *de novo* y se analizaron los transcriptos en busca de secuencias putativas que codifiquen AMPs. Los análisis por homología detectaron 23 transcriptos con similitud con esnaquinas, 8 con defensinas y 18 con proteínas de transferencia de lípidos. No se detectaron genes que codifiquen tioninas ni ciclótidos. La confirmación biológica de las secuencias identificadas, mediante amplificación con *primers* específicos está en curso. Algunos de los genes validados serán seleccionados para su expresión heteróloga, evaluando su potencial como agentes antimicrobianos.

GV 15

## MAPEO DEL CARÁCTER TIPO DE CARPELO EN FRUTO DE TOMATE (*Solanum lycopersicum*) POR SECUENCIACIÓN DE GRUPOS DISCREPANTES

Vázquez D.V.<sup>1</sup>, J.H. Pereira da Costa<sup>1,2</sup>, E. Illa-Berenguer<sup>3</sup>, E. van der Knaap<sup>3</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>IICAR (Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario), UNR-CONICET, Argentina. <sup>2</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina. <sup>3</sup>Department of Horticulture and Institute of Plant Breeding, Genetics and Genomics, University of Georgia, Athens, GA, USA. Email: grodrig@unr.edu.ar

El tomate cultivado (*Solanum lycopersicum*) presenta gran diversidad para la forma de los frutos. El objetivo fue identificar la región genómica que controla el tipo de carpelo en los frutos a partir de un cruzamiento intervartietal y por tecnologías de secuenciación de última generación. Los progenitores fueron los cultivares Old Brooks y Voyage que difieren para el carácter tipo de carpelo en los frutos (fusionados *vs.* no fusionados). Se obtuvo la F<sub>1</sub> y por autofecundación una F<sub>2</sub> compuesta por 76 plantas. Un promedio de 8 frutos por planta fueron cosechados y visualmente evaluados para el tipo de carpelo. La F<sub>1</sub> mostró frutos con carpelos fusionados y en la F<sub>2</sub>, 62 plantas tuvieron carpelos fusionados y 14 no fusionados. El carácter segregó 3:1 ( $\chi^2 = 1,12$ ; ns), lo que indicaría que está controlado por un único locus. Se extrajo ADN de hojas jóvenes en 10 plantas F<sub>2</sub> que tenían frutos con carpelos no fusionados y 10 plantas con carpelos fusionados. Se mezcló el ADN formando 2 *bulks* (grupos). El ADN (concentración 50 ng/ul) de cada grupo se secuenció en lecturas apareadas de 101 pares de bases (pb) a partir de ambos extremos del ADN. Las secuencias se alinearon contra la secuencia del genoma de referencia. Se detectó una región en la posición 41,41 Mb del cromosoma 6 asociada al carácter tipo de carpelo. Se concluye que en la población segregante el carácter tipo de carpelo siguió un patrón de segregación mendeliano y que la aplicación de tecnologías de secuenciación de última generación permitió identificar una región genómica candidata para el control del carácter de interés.

GV 16

## UN MÉTODO PARA LA IDENTIFICACIÓN DE VARIEDADES Y DETERMINACIÓN DE PUREZA EN CEBADA, BASADO EN NGS

Fonseca B.<sup>1</sup>, N. Grasso<sup>1</sup>, R. Fossati<sup>1</sup>, C. Azambuja<sup>1</sup>, A. Agorio<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio Genia, Montevideo, Uruguay. Email: agorio@genia.com.uy

Las variedades de cebada de uso en la industria cervecera poseen cualidades que son determinantes para asegurar la calidad de la cerveza producida. Otras variedades de bajo valor para dicha industria pueden potencialmente entrar en la línea de producción y generar grandes pérdidas económicas. Es por ello que es de gran importancia asegurar la identidad y la pureza de las semillas de cebada que entran en el proceso de producción de la cerveza. En el Laboratorio Genia hemos desarrollado un método basado en NGS que permite identificar variedades y establecer la pureza de muestras de cebada con exactitud y precisión. Aplicando nuestro método hemos estudiado 38 variedades de cebadas regionales y europeas logrando distinguir cada una de ellas, aun cuando se trataba de variedades muy cercanas genéticamente. Por otro lado, en base a mezclas conocidas de cebada hemos modelado un sistema para determinar pureza. Los estudios estadísticos y de verificación nos han permitido determinar que nuestro proceso posee un error menor o igual a 1 % en muestras con un 95-99 % de pureza y que el sistema puede detectar contaminaciones de hasta 0,8 %. Todo de gran valor para la industria cervecera. El método desarrollado también sirve para el análisis de otro tipo de muestras utilizadas en procesos industriales, como la malta, o en programas de mejoramiento genético.



GV 17

## ESTUDIO COMPARATIVO DE LA FRACCIÓN REPETIDA DEL GENOMA EN ESPECIES DE LA FAMILIA MYRTACEAE

Baz N.<sup>1</sup>, C. Pritsch<sup>2</sup>, M. Vaio<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Evolución y Domesticación de las Plantas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. <sup>2</sup>Laboratorio de Biotecnología, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.  
Email: natalie28baz@gmail.com

Las especies de la familia *Myrtaceae* se caracterizan por poseer genomas pequeños y un número cromosómico básico de 11. Dentro de esta familia se encuentran especies diploides ( $2n=22$ ) de importancia económica como *Acca sellowiana* (guayabo del país), *Psidium guajava* (guayabo brasileiro) y *Eucalyptus grandis* con tamaños de genomas (valor  $2C$ ) de 0,78; 0,90 y 1,25 pg, respectivamente. En este trabajo se realizó un análisis comparativo del repertorio y representatividad de las familias de ADN repetido como indicadores del nivel de divergencia entre estos tres genomas. Para esto se analizaron secuencias de *A. sellowiana* y *P. guajava* producidas por NGS (1x) y secuencias de *E. grandis* públicamente disponibles en el GenBank (SRX620408) mediante un enfoque basado en *clusters* en el pipeline RepeatExplorer. Los resultados mostraron que a pesar de poseer genomas pequeños, del 30 al 40 % se compone de secuencias repetidas de ADN, siendo las más abundantes los retrotransposones tipo LTR. Se encontraron las mismas familias de ADN repetido en las tres especies; sin embargo presentaron grandes diferencias en su representatividad. Los retrotransposones tipo *Gypsy* variaron desde 7 % en *A. sellowiana* a 20 % en *P. guajava*, mientras que los tipo *Copia* variaron entre 8 % en *A. sellowiana* a 12 % en *E. grandis*. Las demás familias de ADN repetido presentaron variaciones menos significativas. Los resultados sugieren que diferentes dinámicas de amplificación y eliminación de estas secuencias serían responsables de la diferenciación de la fracción repetitiva del genoma de estas especies.

GV 18

## A HIERARCHICAL MODEL OF INHERITANCE FOR TRAITS WITH COUNT DATA

Bueno F.J.S.S.<sup>1</sup>, I.R.C. Oliveira<sup>1</sup>, M.C. Andrade<sup>2</sup>, W.R. Maluf<sup>3</sup>.  
<sup>1</sup>DEX-UFLA. <sup>2</sup>DBI-UFLA. <sup>3</sup>DAG-UFLA, Brazil.  
Email: jssbueno@dex.ufla.br

Inheritance designs are a widespread technique in plant breeding. Those designs try to identify the proportion of the genetic contribution over the total variability in a phenotype expression, often using a small set of line crosses and their segregating populations. Estimates derived from those designs are useful to quantify the genetic gain by selection in the population. In a traditional bi-parental inheritance design, the mean of each population is estimated based upon a fixed effects model through the ANOVA approach and the heritability is simply defined as a ratio of variance components. This assumes properties of multivariate normal distribution that cannot be easily achieved with discrete or asymmetric data. In this study, we used data from an experiment implemented at Federal University of Lavras, in which traits were count data. The aim was to study the inheritance of trichome density in tomato, which is associated with resistance to insect-pests. For this data, we used a normal conjugate Bayesian hierarchical model, where the genotype random effect follows a normal distribution and the prior distribution for the genetic variance component is the scaled inverse chi squared distribution. The count was assumed to follow a Poisson distribution and the logarithmic link function was used. This approach plays an important role in calculating the inheritance parameters with no need to model overdispersion, since this effect is already captured by the genetic based random effect.

GV 19

## MODELOS PARA ESTUDIOS DE ASOCIACIÓN FENOTIPO-GENOTIPO: IMPLEMENTACIÓN EN EL SOFTWARE INFO-GEN

Peña Malavera A.<sup>1,2</sup>, C. Bruno<sup>1,2</sup>, L. Gutierrez<sup>3</sup>, M. Balzarini<sup>1,2</sup>.  
<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. <sup>2</sup>Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. <sup>3</sup>Department of Agronomy, University of Wisconsin, Madison, WI, USA.  
 Email: mbalzari@agro.unc.edu.ar

*Info-Gen* es un *software* para análisis estadístico de datos genéticos que implementa una variedad de técnicas de análisis en un ambiente integrado capaz de procesar diferentes tipos de datos genéticos. Recientemente, se ha agregado un menú para Mapeo Asociativo, una técnica ampliamente usada para encontrar lugares específicos del genoma asociados a una característica de interés. El motor de cálculo de esta aplicación es el *software* R, pero la ejecución de los procedimientos se realiza desde la interfaz de *Info-Gen*. En el nuevo menú se puede realizar análisis de estructura genética poblacional mediante Análisis de Componentes Principales, y estimar asociaciones entre fenotipo y marcadores moleculares mediante modelos de regresión, incluyendo las siguientes matrices para modelar estructura genética cuando esta existe en la población de mapeo: matriz P (componentes principales de los datos de marcadores) como covariables de la estructura de medias del modelo y la matriz K o de parentesco genético entre las líneas de la población de mapeo como parte de la estructura de varianzas y covarianzas del modelo. También se incluyó la posibilidad de modelar ambas estructuras simultáneamente y la de ajustar un modelo sin corrección por estructura. Para realizar correcciones de valores-p por multiplicidad se incorporaron los métodos de Bonferroni, Benjamini y Hochberg, Li y Ji, y Li y Ji Modificado para corrección por estructura poblacional.

GV 20

## EFFECTOS GENOTIPO Y CICLO DE REGENERACIÓN SOBRE LA MULTIPLICACIÓN *IN VITRO* EN BANANA (*Musa acuminata*)

Ermini J.L.<sup>1,2</sup>, G. Tenaglia<sup>3</sup>, G.R. Pratta<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>IICAR, UNR-CONICET. <sup>2</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup>Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar Región Nordeste Argentino, Laguna Naineck, Formosa (IPAF NEA), Argentina.  
 Email: joseluis.ermi@unr.edu.ar

En un trabajo anteriormente presentado se detectaron diferencias genéticas para la regeneración *in vitro* en banana, luego de que se identificaran dos genotipos exitosos sobre un total de 16 explantos cultivados en la etapa de establecimiento de la micropropagación. El objetivo de este trabajo fue conocer el efecto del genotipo donador del explanto y los ciclos de repiques sobre la etapa de multiplicación *in vitro*, que en esta especie se continúa rutinariamente a la de establecimiento. Durante 6 ciclos de repique, se sembraron en total 467 explantos según la siguiente distribución (entre paréntesis se informa primero el número de explantos para el genotipo 12 y luego para el genotipo 25): 4 en el primer ciclo (2 y 2), 10 en el segundo (6 y 4), 34 en el tercero (20 y 14), 87 en el cuarto (65 y 22), 140 en el quinto repique (111 y 29) y 192 en el sexto, que permitieron obtener 154 plantas micropropagadas del genotipo 12 y 38 del genotipo 25. El número de plantas micropropagadas se comparó mediante el test de independencia del chi-cuadrado, en el que las variables de clasificación fueron genotipo donador y ciclo de repique. Sus efectos sobre la multiplicación *in vitro* se estimaron a través de la frecuencia de regeneración, detectándose efectos significativos ( $p=0,0465$ ) de ambas variables de clasificación sobre esta frecuencia. Se concluye que la multiplicación *in vitro* fue afectada tanto por el genotipo donador del explanto como por el ciclo de repique, presentando el genotipo 12 y los primeros ciclos efectos que incrementaron el número de plantas micropropagadas en banana.

GV 21

## ORIGEN GENÉTICO DE *Arachis hypogaea* L.: EVIDENCIAS CITOGENÉTICAS DE POLIPLOIDIZACIÓN SEXUAL

García A.V.<sup>1,2</sup>, A.M. Ortiz<sup>1,2</sup>, G.I. Lavia<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, Corrientes, Argentina. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agrimensura, Corrientes, Argentina.  
Email: graciela.lavia@yahoo.com.ar

*Arachis hypogaea* es un aloploidio probablemente originado por la hibridación entre especies diploides de la sección *Arachis*, y posterior duplicación cromosómica mediante la unión de gametos no reducidos. Para testear la hipótesis del origen del cultígeno vía poliploidización sexual, se realizaron cruzamientos recíprocos entre *A. ipaënsis* y *A. duranensis* (especies progenitoras más probables) y se realizó el análisis meiótico de los híbridos obtenidos. El análisis reveló irregularidades meióticas vinculadas a la formación de microsporas aneuploides, las cuales explican la variación morfológica de los granos de polen y la baja viabilidad de los mismos. Además, se detectaron núcleos de restitución, los cuales estarían involucrados en la formación de las microsporas no reducidas de las mónadas, díadas y tríadas observadas, dando lugar a los macrogranos de polen (2n, 4n). La producción de gametos no reducidos en los híbridos permite proponer el origen de un individuo anfiploide mediante la unión de gametos 2n en el anfihaploide, sustentando así la hipótesis del origen del maní cultivado por poliploidización sexual. Asimismo, la obtención de híbridos utilizando *A. duranensis* como progenitor femenino constituye una novedad, ya que las hibridaciones realizadas con anterioridad por otros investigadores fueron fallidas. Es destacable la utilidad potencial de estos híbridos en programas de mejoramiento, ya que los mismos permitirían la introgresión de genes de interés agronómico de los parientes silvestres al cultígeno *A. hypogaea*.

GV 22

## ESTUDIO COMPARATIVO DE PATRONES DE METILACIÓN EN YERBA MATE Y YERBA SEÑORITA

Cascales J.<sup>1,2</sup>, L. Poggio<sup>1,2</sup>, A.M. Gottlieb<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>LaCyE, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA (UBA-CONICET), FCEN, UBA. <sup>2</sup>CONICET, Argentina.  
Email: jcascales@ege.fcen.uba.ar

*Ilex dumosa* (yerba señorita) e *I. paraguariensis* (yerba mate) son dos especies de árboles dioicos nativos de Sudamérica, siendo la última de gran importancia económica para la región. Aquí encaramos el estudio comparativo de la variación epigenética de ambas especies a nivel de metilaciones en el ADN, empleando la técnica MSAP (*Methylation-Sensitive Amplified Polymorphism*). Se analizó el ADN genómico de 34 muestras de diversos tejidos reproductivos y vegetativos de individuos femeninos y masculinos. Los productos de amplificación por PCR de tres combinaciones de cebadores selectivos fueron separados y visualizados en geles de alta resolución teñidos con plata. Los patrones de bandas fueron volcados en matrices binarias que fueron analizadas con el programa *msap*. La combinación de datos (193 bandas) permitió detectar diferencias significativas entre las dos especies sólo para los sitios no metilados, mientras que para los sitios metilados las diferencias no resultaron significativas. Cuando se analizó cada especie independientemente (119 bandas de yerba señorita y 131 de yerba mate), no se encontraron diferencias significativas entre los distintos tipos de tejido respecto a la variación en la metilación. En todos los casos analizados, el test de Mantel indica que los grupos de sitios metilados y no metilados son independientes. Se concluye que los datos derivados de estos tres pares de cebadores MSAP son suficientes para distinguir entre las especies, pero aún resulta insuficiente para la distinción entre los grupos de tejidos ensayados.

## GV 23

### CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MATERIALES SELECCIONADOS DE YERBA MATE (*Ilex paraguariensis* ST. HIL.)

Paiva D.I.<sup>1</sup>, J. Cascales<sup>2</sup>, M.E. Gauchat<sup>1</sup>, R.A. Scherer<sup>3</sup>, A.M. Gottlieb<sup>2</sup>. <sup>1</sup>EEA-INTA Montecarlo, Misiones, Argentina. <sup>2</sup>LACyE, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEN-UBA, IEGEBA (UBA-CONICET), Argentina. <sup>3</sup>Pindo S.A., Pto. Esperanza, Misiones, Argentina.  
Email: paiva.daniela@inta.gob.ar

*Ilex paraguariensis* es una especie de gran importancia socio-económica en el MERCOSUR, siendo relevante generar información genética de materiales cultivados. Se caracterizaron plantas procedentes de cuatro sitios productivos con marcadores dominantes ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*). Se obtuvieron los patrones de bandas mediante electroforesis en geles de alta resolución, teñidos con plata. Las matrices binarias fueron analizadas con los programas *msap* y *GenAlEx*. La matriz derivada del cebador YM-ISSR1 (102 individuos) con 59/60 *loci* polimórficos, presentó un rango de frecuencia de bandas por *locus* de 0,09-0,90, y un rango de bandas por individuo entre 20 a 59. La matriz derivada del cebador YM-ISSR2 (113 individuos) consta de 134/137 *loci* polimórficos, el rango de frecuencia de bandas por *locus* es de 0,03-0,98, y el rango de bandas por individuo es 30-69. Al considerar los sitios de origen de las muestras, con ambos cebadores se hallaron diferencias significativas en el número de bandas. Tanto el análisis de las distancias genéticas como el PCoA, permitieron identificar los sitios de donde provienen los materiales genéticamente más homogéneos, así como los sitios con materiales más contrastantes. El análisis de la varianza molecular (AMOVA) para ambos cebadores reporta que la mayor parte de la variación se encuentra dentro de cada sitio. Se concluye que el relevamiento de la variación genética en estos materiales es promisorio y que la inclusión de más marcadores permitirá caracterizarlos de manera más robusta.

## GV 24

### EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA MORERA DE PAPEL EN OCEANÍA REMOTA MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES BASADOS EN RETROTRANSPONES

Silva G.<sup>1</sup>, X. Moncada<sup>2</sup>, D. Seelenfreund<sup>1</sup>, A. Seelenfreund<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), La Serena, Chile. <sup>3</sup>Escuela de Antropología, Área de Ciencias Sociales, Universidad Academia de Humanismo Cristiano, Santiago, Chile.  
Email: gerardo.silva.poblete@gmail.com

La morera de papel (*Broussonetia papyrifera*) es una especie nativa de Asia e introducida a la región de Oceanía Remota asociada a los procesos prehistóricos de colonizaciones humanas. Debido a su uso como fuente de fibra vegetal para textiles y la importancia cultural que representa, resulta interesante abordar su estudio genético para aportar a la comprensión de las rutas migratorias en Oceanía Remota. El análisis de regiones de ADN ribosomal y de cloroplastos de *B. papyrifera* de Oceanía Remota ha evidenciado ausencia de diversidad. Con el fin de encontrar mayor diversidad genética se ensayaron dos tipos de marcadores basados en retrotransposones: *Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism* (IRAP) y *Retrotransposon-Microsatellite Amplified Polymorphism* (REMAP). A partir de 45 combinaciones de partidores IRAP y 36 combinaciones REMAP, se estandarizaron protocolos de PCR y se seleccionaron 4 combinaciones REMAP que mostraron patrones adecuados para análisis. Los resultados mostraron muy poca diversidad en las muestras estudiadas (n=56), apoyando la noción de una dispersión de origen clonal de la morera de papel en las islas del Pacífico, complementando los resultados obtenidos con otros marcadores utilizados en esta especie. Considerando que los retroelementos han sido descritos como fuente importante de diversidad clonal en otras especies vegetales, la diversidad encontrada fue mucho menor a la esperada. Se requieren más estudios para identificar marcadores de utilidad basados en retroelementos para estudiar la diversificación clonal de la morera de papel.

GV 25

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE TEXTILES ETNOGRÁFICOS ANTIGUOS PROVENIENTES DE OCEANÍA ELABORADOS A PARTIR DE FIBRA VEGETAL USANDO MARCADORES MOLECULARES

Peña B.<sup>1</sup>, O. Kardailsky<sup>2</sup>, C. Payacán<sup>1</sup>, E. Matisoo-Smith<sup>2</sup>, X. Moncada<sup>3</sup>, D. Seelenfreund<sup>1</sup>, A. Seelenfreund<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Dept. of Anatomy, University of Otago, Dunedin, Nueva Zelanda. <sup>3</sup>CEAZA, La Serena, Chile. <sup>4</sup>Escuela de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad Academia de Humanismo Cristiano, Santiago, Chile.  
Email: barbara.pena@ug.uchile.cl

Aún no existe consenso de las rutas usadas por los navegantes polinésicos para poblar las islas del Pacífico. El estudio genético-molecular de especies transportadas intencionalmente hacia Oceanía ha permitido dilucidar posibles rutas migratorias complementando información arqueológica y lingüística existente. Entre las plantas transportadas se encuentra *Broussonetia papyrifera*, usada como fuente de fibra para la confección de textiles de valor ceremonial en Oceanía. El uso de textiles antiguos como fuente de ADN podría ser de utilidad para estudiar el pasado reciente de esta especie en Oceanía. Hipótesis: Es posible caracterizar ADN de textiles antiguos para identificar la especie vegetal usada como fuente de fibra y determinar genotipos de los textiles antiguos elaborados a partir de *B. papyrifera* mediante marcadores moleculares. Se analizaron textiles de los siglos XVIII-XX como fuente de ADN antiguo. Se realizaron extracciones de ADN a partir de 17 muestras provenientes de distintas islas de Oceanía en un laboratorio de ADN antiguo para evitar la contaminación con ADN contemporáneo. Se amplificó exitosamente la región ITS-1 en 10 muestras. El análisis de las secuencias indicó que la especie usada para elaborar el textil fue *B. papyrifera* en seis de ellas. Estos textiles se caracterizaron usando marcadores de microsatélites, aportando a la comprensión de la dispersión antrópica de esta especie en Oceanía. Este es el primer reporte de extracción de ADN de textiles de fibra vegetal antigua, abriendo puertas al estudio histórico-genético de textiles de importancia cultural.

GV 26

## DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA MORERA DE PAPEL (*Broussonetia papyrifera* (L.) L'HERIT. EX. VENT.) EN OCEANÍA REMOTA, UNA PLANTA DE PROPAGACIÓN CLONAL

Olivares G.<sup>1</sup>, J. Peñailillo<sup>1</sup>, C. Payacán<sup>1</sup>, X. Moncada<sup>2</sup>, K.F. Chung<sup>3</sup>, D. Seelenfreund<sup>1</sup>, A. Seelenfreund<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), La Serena, Chile. <sup>3</sup>Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taipéi, Taiwán. <sup>4</sup>Escuela de Antropología, Área de Ciencias Sociales, Universidad Academia de Humanismo Cristiano, Santiago, Chile.  
Email: dseelen@ciq.uchile.cl

Una de las alternativas para estudiar el poblamiento humano de Oceanía Remota es analizar como modelo especies estrechamente asociadas al humano, ya que las poblaciones humanas actuales no reflejan fielmente a los primeros pobladores de esta región. Una de ellas es la morera de papel o *Broussonetia papyrifera*, una planta de importancia cultural. Su cultivo en el Pacífico es de forma vegetativa mediante la multiplicación de esquejes y brotes de raíces. El objetivo de este trabajo es analizar la diversidad genética de individuos de *B. papyrifera* de Oceanía Remota. Se analizaron 303 individuos de *B. papyrifera*, 30 de Asia y 273 de Oceanía. Estos se caracterizaron utilizando cuatro tipos de marcadores: marcador de sexo, región ribosomal (ITS-1), ADN de cloroplasto (*ndhF-rpl32*) y 10 microsatélites (SSR). Los análisis del marcador de sexo, ITS-1 y *ndhF-rpl32* permitieron diferenciar las poblaciones de origen asiático y de Polinesia, mostrando mayor diversidad en Asia que en el Pacífico. Por otra parte, los SSR permitieron diferenciar más de 20 genotipos agrupados en 3 poblaciones de *B. papyrifera*, siendo éstas Polinesia Oriental, Central y Occidental, demostrando mayor poder resolutivo que los 3 marcadores presentados anteriormente. Estos resultados sugieren que aun cuando se propaga en forma clonal en Polinesia, *B. papyrifera* presenta diferencias genéticas que permiten su caracterización. Este estudio aportará a la reconstrucción de las rutas de migración desde Asia a Polinesia Oeste y Polinesia Central, para contribuir a la comprensión del poblamiento humano de Oceanía Remota.