



GPE 1

PECES DE AGUA DULCE: ¿QUÉ APORTES TENEMOS DESDE LA GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN?

Rueda E.C. Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad Universitaria, Santa Fe.

E-mail: eva.carolina.rueda@gmail.com

La filogeografía se define como la disciplina que estudia los principios y procesos que gobiernan la distribución geográfica de los linajes genealógicos. Parte de la idea de que la gran mayoría de las especies en la naturaleza exhiben cierto grado de estructura genética. Con este marco conceptual, decidimos en 2009 comenzar estudios filogeográficos en peces de agua dulce que comparten tres características principales: a) están sometidos a explotación comercial; b) realizan migraciones extensivas a través de la Cuenca del Plata; y c) no se conocían su estado de conservación. Para los análisis usamos marcadores moleculares (microsatélites y de ADN mitocondrial -ADNmt-). En este simposio presentamos algunos resultados preliminares de los estudios realizados con sábalo (*Prochilodus lineatus*), boga (*Megaleporinus obtusidens*) y surubí (*Pseudoplatystoma corruscans*). A pesar de compartir área geográfica y características migratorias, los resultados muestran que las tres especies tienen particularidades que deben ser tenidas en cuenta a la hora de elaborar normativas en cuanto a su conservación. Los resultados preliminares obtenidos del análisis del marcador de ADNmt COI para *M. obtusidens*, muestran, en principio, una complejidad en lo referente a la determinación de la especie, lo cual hace muy difícil responder la pregunta ¿qué “boga” estamos pescando? En el caso de *P. corruscans*,

analizando la estructura genética, vemos que existe una estructuración que podría ser geográfica, pero también existe una estructuración temporal en la Cuenca del Paraná, al igual de lo que ocurre con otras especies. Finalmente, los resultados preliminares de estudios realizados en *P. lineatus*, teniendo en cuenta la cohorte, vemos que genéticamente no son homogéneas, sino que cada una está compuesta por al menos dos *stocks* genéticos distinguibles ($K=2$). Como conclusión, vemos que a pesar de la complejidad de ambientes que presenta la Cuenca del Plata en su totalidad, no es solamente la estructura geográfica, sino que el comportamiento migratorio-reproductivo de estas especies, así como otras variables ambientales (como los pulsos de inundación) en conjunto, serían los que definen la distribución de linajes o *stocks* genéticos. Los resultados obtenidos constituyen nuevas perspectivas de análisis, que en un futuro contribuirán a clarificar las interacciones entre expansiones y contracciones de áreas migratorias y fluctuaciones en los tamaños poblacionales de la especie, lo cual es esencial para pronosticar ubicaciones y disponibilidades de diferentes *stocks* de pesca. Asimismo, existen áreas de alto valor para la conservación de estas especies, donde convergen distintos *stocks* genéticos en distintos momentos.

GPE 2

DIFERENCIACIÓN GENÉTICA MOLECULAR ENTRE PROCEDENCIAS DE *Prosopis flexuosa* (LEGUMINOSAE) EVALUADA EN UNA PLANTACIÓN EXPERIMENTAL

Bessegá C.^{1,2}, R. Aguiló¹, M. Cony³, P. Villagra⁴, B.O. Saidman^{1,2}, J.C. Vilardi^{1,2}. ¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB- CONICET-UBA), Argentina; ³Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), CCT- Mendoza, Argentina; ⁴Instituto Argentino de Nivología, Glaciología y Cs. Ambientales (IANIGLA), CCT- Mendoza, Argentina.
E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

Prosopis flexuosa es una leguminosa leñosa que representa un importante recurso natural multipropósito en la región del Monte. Estudios previos señalan que los bosques naturales difieren en su estructura siguiendo un gradiente latitudinal. Los bosques de la zona Norte presentan mayor densidades de árboles, árboles de mayor altura y diámetros de copa, y mayor proporción de individuos de un fuste y erectos que los de la zona sur. En el presente trabajo se evaluó la variabilidad y estructura genética de 5 procedencias (Águila Limay, Chilecito, Fiambalá, Mogna y Pipanaco) implantadas en un huerto experimental en 1991 en Mendoza. Se analizaron mediante 4 marcadores microsatélites 125 individuos pertenecientes a 25 familias. La variabilidad genética fue alta, con 5,6 a 6,6 alelos por locus y $He=0,67$. La diferenciación no jerárquica entre procedencias ($F_{ST}=0,053$) fue altamente significativa ($P=0,001$). El AMOVA indicó que la mayor parte de la variación ocurre dentro de los individuos ($\approx 74\%$). La diferenciación entre individuos resultó siempre significativa ($P<0,015$) siendo: 16% entre familias dentro de procedencia, 7% entre muestras dentro de familia y 3% entre procedencias. El UPGMA y DAPC señalan que Águila Limay es el origen más diferenciado y el AMOVA jerarquizado excluyendo esta población resulta no significativo ($P=0,28$). El análisis Bayesiano utilizando STRUCTURE identifica 4 clusters con alta proporción de admixture agrupando a Fiambalá y Mogna. Los resultados en base a estos loci indican baja diferenciación genética entre los orígenes.

GPE 3

ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL EN DOS POBLACIONES ARGENTINAS DE *Acacia furcatispina* (FABACEAE)

Cerdeira E.N.¹, J.C. Vilardi¹, M. Ewens², B.O. Saidman¹, C.L. Pometti¹. ¹Laboratorio de Genética, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEB- (CONICET- UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Estación Experimental Fernández-UCSE (Convenio Provincia Santiago del Estero- Universidad Católica Santiago del Estero), Departamento de Robles, Santiago del Estero, Argentina.
E-mail: eliascerdeira@gmail.com

Acacia furcatispina es una especie multipropósito ampliamente distribuida en la región del centro y norte de la Argentina. Para propósitos de conservación y restauración ecológica, es de particular interés identificar factores de importancia en la estructuración y en la diversidad intraespecífica de las poblaciones. En este trabajo, se utilizó la técnica de AFLP para estudiar la diversidad genética y detectar la existencia de estructura genética espacial (SGS) a escala fina en 2 poblaciones naturales argentinas de la especie *A. furcatispina*. El estudio de la SGS se realizó analizando la relación entre la coancestría estimada entre pares de individuos con la distancia geográfica. La técnica de AFLP reveló 121 loci informativos, para los cuales la heterocigosis media ($He=0,33$) y el porcentaje de loci polimórficos medio (PPL=88,1%) indicaron que la variación genética de la especie es relativamente alta. La estructura genética espacial (SGS) fue significativa en 1 de las 2 poblaciones estudiadas ($P<0,05$). El tamaño del vecindario en esta población es de 14,75 individuos. La estimación de la dispersión genética depende de la densidad efectiva de las poblaciones y del nivel de perturbación en las mismas, y varió desde 2 hasta 6,5 m. Si bien estos resultados son preliminares, una posible estrategia de manejo de *A. furcatispina* en dicha población, sugiere que el muestreo de semillas de árboles debe ser de 2 a 7 m para reducir el parentesco entre individuos.



GPE 4

EVIDENCIAS DE SELECCIÓN NATURAL EN POBLACIONES ARGENTINAS DE *Acacia aroma* (FABACEAE)

Pometti C.L.¹, A.M. Cialdella², M. Ewens³, B.O. Saidman¹, J.C. Vilardi¹. ¹Laboratorio de Genética, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²IBODA-CONICET, San Isidro, Buenos Aires, Argentina; ³Estación Experimental Fernández-UCSE (Convenio Provincia Santiago del Estero-Universidad Católica Santiago del Estero), Departamento de Robles, Santiago del Estero, Argentina. E-mail: cpometti@ege.fcen.uba.ar; caritoege@gmail.com

Acacia aroma es una especie importante como forrajera en la región Chaqueña ya que las cabras y ovejas se alimentan de sus frutos y hojas en las poblaciones naturales. Los caracteres cuantitativos que cobran importancia económica y ecológica en dicha especie, están relacionados con la historia de vida y el tamaño y forma de los frutos y las hojas. En las poblaciones naturales de esta especie se observó una amplia variabilidad para estos rasgos, sugiriendo una posible base genética, útil en programas de selección. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue detectar evidencias de selección natural en tres rasgos de historia de vida y 9 rasgos morfológicos en 7 poblaciones naturales de *A. aroma*, usando la comparación $P_{ST}-F_{ST}$. Todos los rasgos fenotípicos mostraron evidencias de selección, aunque sólo el carácter "altura del árbol" mostró selección diversificadora, mientras que los restantes están sujetos a selección estabilizadora. Estos resultados sugieren una posible estrategia de manejo entre orígenes para mejorar la altura de los árboles, mientras que para el resto de los rasgos, se podría obtener una mejora genética significativa por selección dentro de cada origen.

GPE 5

TEST DE NEUTRALIDAD $Q_{ST}-F_{ST}$ DE RASGOS CUANTITATIVOS DE IMPORTANCIA ECONÓMICA EN UN ENSAYO PROGENIE-PROCEDENCIA DE *Prosopis chilensis* (LEGUMINOSAE)

Chequer Charán D.¹, C. Bessega^{1,2}, M. Cony³, B.O. Saidman^{1,2}, J.C. Vilardi^{1,2}. ¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA) CONICET-Universidad de Buenos Aires, Argentina; ³Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), Centro Científico Tecnológico (CCT), Mendoza, Argentina. E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

La hipótesis de neutralidad selectiva de rasgos cuantitativos puede evaluarse mediante la comparación de la diferenciación morfológica y molecular cuantificada respectivamente por los coeficientes Q_{ST} y F_{ST} . En el marco del plan de mejoramiento del algarrobo, en 1991 se estableció un ensayo de progenie procedencia de *P. chilensis* en la localidad de El Sauce (Mendoza) con la finalidad de evaluar la diferenciación y comportamiento de diferentes procedencias. Con el objeto de determinar la contribución relativa de la adaptación local y la deriva genética en la diferenciación fenotípica, se midieron cuatro rasgos fenotípicos de importancia económica (altura, número de espinas, forma y diámetro basal) en 101 individuos pertenecientes a 16 familias de 4 procedencias: Mogna, Chilecito, Villa Unión y Fiambalá. Los mismos individuos fueron genotipados para 6 loci SSR. La diferenciación fenotípica de cada rasgo medida por el Q_{ST} se comparó con la diferenciación genética cuantificada por el F_{ST} utilizando el paquete *QstFstComp* del programa R. La diferenciación genética entre las procedencias resultó baja ($F_{ST}=0,033$) aunque significativa ($P=0,01$). La diferenciación fenotípica fue también baja para todos los rasgos con valores de Q_{ST} entre 0 y 0,04 que no difirieron significativamente del F_{ST} . Los resultados aquí obtenidos sugieren que la diferenciación entre procedencias podría explicarse por efectos de la deriva genética y no habría evidencias de adaptación local.

GPE 6

ESTUDIO PRELIMINAR SOBRE LA ESTRUCTURA Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Cnesterodon decemmaculatus* EN DOS CUENCAS DEL NOROESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Bianco P.M.¹, M.S. Byrne¹, N.A. Ossana², L. Ferrari², J.I. Túnez¹.

¹Grupo de Investigación en Ecología Molecular (GIEM), Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-CONICET), Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina;
²Programa de Ecofisiología Aplicada (PRODEA), Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-CONICET), Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: solebyrne@gmail.com

El objetivo de este trabajo fue estimar la estructura y diversidad genética de *Cnesterodon decemmaculatus* mediante el uso de un segmento de la región control del ADN mitocondrial, en dos cuencas del noreste de la Provincia de Buenos Aires. Se capturaron peces pertenecientes a sitios ubicados en las cuencas de los ríos Reconquista (n=12) y Luján (n=19). De estos animales se extrajo el ADN y se amplificó por PCR un segmento de 715 pb de la región control del ADN mitocondrial. Se estimaron a partir del análisis de las secuencias la diversidad haplotípica y nucleotídica. Además se realizó un análisis de varianza molecular (AMOVA). La diversidad haplotípica para los animales pertenecientes al río Luján fue 0,94 mientras que para el otro sitio resultó ser 0,83; los valores de diversidad nucleotídica fueron iguales en ambos casos (0,0114). El AMOVA indicó que no existen diferencias significativas entre ambas cuencas ($F_{ST}=0,0001$; $p=0,91$). Estos resultados preliminares sugieren que ambas poblaciones se comportarían como una unidad panmíctica que mantendría valores altos de diversidad genética y en la que no existe estructura geográfica. Estos resultados serán corroborados mediante la inclusión de nuevos sitios de muestreo ubicados en las mismas cuencas y en otras de la provincia de Buenos Aires.