

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN



EVALUACIÓN DE SISTEMAS DE PREDICCIÓN DEL COLOR DEL IRIS A PARTIR DEL GENOTIPO EN LA POBLACIÓN BONAERENSE

Hohl D.M.¹, M.A. Gutiérrez², C.I. Catanesi³. ¹CONICET, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) (CONICET-UNLP-CIC), Buenos Aires, Argentina.

²Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas, UNLP, Buenos Aires, Argentina.

³CONICET, IMBICE (CONICET-UNLP-CIC), Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

dianamhohl@gmail.com

La predicción del fenotipo a partir del ADN es útil en la identificación de personas. Los SNPs utilizados se basan en estudios realizados principalmente en poblaciones europeas, pudiendo no ser aplicables en poblaciones de ancestría mixta como la argentina. Con el objeto de evaluar métodos de predicción de color de iris en una muestra de la población bonaerense (n=308) se genotipificaron 9 SNPs de 6 genes asociados a este fenotipo: *HERC2*, *OCA2*, *SLC24A4*, *TYR*, *IRF4* y *SLC45A2* mediante PCR (RFLP y alelo-específica) y electroforesis. Se tomaron fotografías de los iris de cada voluntario con biomicroscopio y cámara digital y se categorizaron por color en azul, intermedio y marrón. Se predijo el color a partir de 6 (sistema IrisPlex), 7 y 9 SNPs (método Snipper). Se evaluó la precisión de ambos modelos determinando el área bajo la curva (AUC) de característica operativa del receptor con el software R, a partir de la sensibilidad (S) y la especificidad (E), y los valores predictivos positivos (PPV) y negativos (NPV). Las AUC reflejan una mejor predicción con IrisPlex para azul (0,9559) y marrón (0,8363), con NPV y S de 100% (ambos colores), aunque el AUC y S para intermedio son bajos (0,7454 y 0,6%, respectivamente). Pero el clasificador con 7 SNPs y regresión logística multinomial presenta la S más alta para intermedio (51,72%), además de los mayores PPV para azul (20,93%) y marrón (70%), y E para marrón (76,77%). Por lo tanto, el IrisPlex resulta adecuado para predecir los colores azul y marrón, pero el aumento de S indica que la predicción de intermedios mejoraría al adicionar un SNP.

GA-TA: GENETICS APPLICATION - TABLE ADAPTER

Gamboa Lerena M.M.¹, S. Del Palacio², F.G. López Armengol³, D.M. Hohl⁴, G.P. Santo Meztler⁵. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Astronómicas y Geofísicas, Universidad Nacional de La Plata (UNLP).

²CONICET, Instituto Argentino de Radioastronomía, CCT-La Plata, CONICET, CICPBA, Villa Elisa, Buenos Aires, Argentina. ³Rochester Institute of Technology, Nueva York, EE.UU. ⁴CONICET, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular IMBICE (CONICET-UNLP-CIC), La Plata, Buenos Aires, Argentina. ⁵CONICET. Centro de Investigación de Proteínas Vegetales (CIPROVE-Centro Asociado CICPBA-UNLP), Depto. de Cs. Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas, UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

mgamboa@fcaglp.unlp.edu.ar

Several informatics tools have been developed for the analysis of genetic data, such as the very popular Arlequin, Structure, and R programs. A common issue for scientists working in the field of human population genetics is that it is not trivial to convert a simple layout experimental datasheet into the specific formats required by each of those programs. Lacking a tool to properly handle this, scientists are forced to perform this labour manually, which is highly time-consuming and prone to errors. The magnitude of this problem has escalated with the current use of large databases of human variation data as the 1000 Genomes Project. Here we introduce the GA-TA program designed to adapt tables from an easy-to-build format into the specific formats required by programs such as Structure, Arlequin, and R. We present a web application hosted at <http://gata.fcaglp.unlp.edu.ar/> which provides an easy-to-use graphical user interface for managing input and output files, along with a user manual and a test sheet for clarification. No programming skills nor software installations are required to make use of this application. In addition, the GA-TA program is open-source and publicly available at <https://github.com/GA-TA/>. The software is written in Python 3 in a modular structure suitable for being easily extended to provide further formats and utilities.

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA POBLACIONAL DE *Leptodactylus gracilis* (ANURA, LEPTODACTYLIDAE) EMPLEANDO MARCADORES MOLECULARES

Leonardi M.L.¹, F. Brusquetti², F. Kolenc³, C. Borteiro³, C.F.B. Haddad⁴, D. Cardozo⁵. ¹Instituto de Biología Subtropical (IBS), FCEQyN, UNaM, Misiones, Argentina. ²Instituto de Investigación Biológica del Paraguay, Asunción, Paraguay. ³Museo Nacional de Historia Natural, Montevideo, Uruguay. ⁴Departamento de Zoología y Centro de Acuicultura (CAUNESP), Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, SP, Brasil. ⁵Laboratorio de Genética Evolutiva "Claudio Juan Bidau", IBS (CONICET-UNaM), Posadas, Misiones, Argentina.
lauleonardi9@gmail.com

Los anuros del género *Leptodactylus* comprenden un grupo natural compuesto por cuatro grupos de especies. El más diverso, grupo *L. fuscus*, incluye a *L. gracilis*, la cual posee una amplia y disjunta distribución subtropical que abarca el Sur de Brasil, Uruguay, Paraguay y Norte de Argentina. Su extensa y particular distribución geográfica, así como los escasos estudios taxonómicos hacen a este taxón ideal para el abordaje filogeográfico. El objetivo de este trabajo fue identificar la estructura genética de *L. gracilis* a partir de los marcadores mitocondriales COI y 16S. Para ello, se extrajo ADN genómico total de muestras de tejidos de la especie, abarcando gran parte de su distribución, siendo luego amplificadas con oligos específicos y secuenciadas mediante el método Sanger. Posteriormente, las secuencias obtenidas fueron alineadas y concatenadas. A continuación, se realizó un análisis filogenético utilizando máxima parsimonia. Adicionalmente, se construyeron matrices de distancias pareadas para cada marcador y se analizó el flujo génico con el estadístico *Fst*. Los análisis revelan una marcada estructuración genética, coincidente con la distribución geográfica de las poblaciones. Los datos de *Fst* sugieren un flujo génico restringido entre los sitios de muestreo. En conjunto, estos hallazgos indican que dentro de *L. gracilis* existen poblaciones identificadas como especies candidatas. Futuros análisis, incluyendo un mayor número de terminales y marcadores nucleares, permitirán visualizar de manera más precisa la estructura genética de las poblaciones.

ESTUDIO ESPACIO-TEMPORAL DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DEL VECTOR DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS *Triatoma infestans*

Perez de Rosas A.^{1,2}, B. García^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones Ciencias de la Salud (INICSA) (CONICET-UNC). ²Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
arperez@biomed.fcm.unc.edu.ar

Triatoma infestans es considerada el principal vector de la enfermedad de Chagas en América del Sur. Con el propósito de investigar cómo varían en el tiempo los patrones espaciales de la estructura genética en *T. infestans*, se analizaron muestras de insectos obtenidas en el domicilio y/o en el peridomicilio de 10 viviendas de la localidad de San Martín (Capayán, Catamarca) y se las comparó con muestras obtenidas 2 años después en esos mismos sitios de captura. Se utilizaron 11 *primers* de ISSRs (secuencias entre repeticiones simples) que permitieron amplificar, mediante la técnica de PCR, 241 bandas polimórficas a partir de un total de 240 individuos. Los valores de diferenciación genética entre los sitios de cada casa de la primera y segunda muestra fueron significativos ($\Phi_{ST}=0,27$ y $0,41$, respectivamente; $p<0,01$), confirmando un alto grado de subdivisión en las poblaciones. En el Análisis de Componentes Principales se observó que ambas muestras formaron 2 grupos diferentes y la segunda muestra presentó mayor diferenciación entre sitios de captura. En poblaciones subdivididas, cuando el flujo génico restringido es sostenido en el tiempo, es probable que la deriva conduzca a acentuar la diferenciación de las frecuencias alélicas entre subpoblaciones. El análisis de autocorrelación indicó que tanto las hembras como los machos de esta especie se dispersan aproximadamente unos 500 m. Este resultado sugiere que el rociado con insecticidas y la vigilancia debería extenderse a todos los focos posibles de *T. infestans* en un rango de 500 m alrededor del área infestada.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Helicoverpa gelotopoeon* (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) SOBRE LA BASE DE MARCADORES NUCLEARES

Herrero M.I.¹, M.G. Murúa¹, A.S. Casmuz¹, G. Gastaminza¹.
¹Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Tucumán, Argentina.
 maria_inesherrero@hotmail.com

Helicoverpa gelotopoeon (Dyar) (Lepidoptera: Noctuidae) es una plaga polífaga que ha sido reportada causando daños en varios cultivos de importancia agrícola como ser soja, garbanzo y algodón. Esta especie, junto con *Helicoverpa zea* (Boddie), *Helicoverpa armigera* (Hübner) y *Chloridea virescens* (Fabricius), pertenece al complejo de Heliiothinae de importancia económica en el Noroeste Argentino. Muchas especies de este complejo han desarrollado resistencia a insecticidas químicos y a cultivos *Bt*. El manejo de la resistencia a estas estrategias de control en *H. gelotopoeon* es de gran importancia y está sujeto al conocimiento de la genética de poblaciones de esta especie. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar la variabilidad y estructura genética de poblaciones de *H. gelotopoeon* provenientes de distintas plantas hospederas y regiones geográficas de la Argentina. Para ello, se utilizaron seis marcadores microsatélites para evaluar un total de 196 individuos. Los resultados obtenidos revelaron una alta diversidad genética y falta de estructuración genética entre las poblaciones estudiadas de *H. gelotopoeon*. Esta homogeneidad genética entre poblaciones de diferentes regiones geográficas y plantas hospederas puede ser debido a la gran capacidad de migración de los Heliiothinae y el comportamiento generalista de *H. gelotopoeon*.

EL IMPACTO DE LA FRAGMENTACIÓN DE CUENCAS EN LA DIVERSIFICACIÓN DE PECES NEOTROPICALES DE ARGENTINA

Briñoccoli Y.F.¹, A. Paracampo², P. Posadas³, G.M. Somoza¹, Y.P. Cardoso³. ¹INTECH (CONICET-UNSAM).
²Instituto de Limnología Dr. Raúl A. Ringuelet, CONICET-CCT La Plata-UNLP. ³Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, La Plata, Argentina.
 ybrinoccoli@intech.gov.ar

Los procesos por los cuales la riqueza de especies y la diversidad dentro de las especies tienen lugar son el aislamiento por distancia geográfica (AD); el aislamiento por barrera (AB) y el aislamiento por ambiente (AA). Estos aislamientos generan diversidad y conllevan a la estructuración genética y con el tiempo a la especiación. Aquí evaluamos el rol de estos procesos en dos especies de peces de agua dulce, *Hypostomus cordovae* y *Jenynsia lineata*, que se distribuyen en un rango ambiental muy amplio de Argentina. Para abordar este estudio se analizaron genes mitocondriales de 102 individuos para *H. cordovae* y 221 individuos para *J. lineata*. A partir de esta información se realizaron redes de haplotipos, análisis de AMOVA, SAMOVA y análisis de redundancia basado en distancias. Los resultados sugieren que la fragmentación de cuencas (AB) juega un rol importante en ambas especies, así como también la distancia geográfica (AD) para *H. cordovae* y la altitud (AE) para *J. lineata*. Esto demuestra que el proceso de diversificación de las poblaciones es complejo y no se limita a un solo mecanismo. Este proceso puede conducir al aislamiento reproductivo de las poblaciones y, en última instancia, a la especiación de las mismas.

GENÓMICA POBLACIONAL DEL LANGOSTINO *Pleoticus muelleri* (CRUSTACEA: DECAPODA: SOLENOCERIDAE)

Gesto E.S.M.¹, S. Ceballos², P. de Carli³, V. Confalonieri⁴, P. Pérez Barros⁵. ¹Centro de Investigaciones y Transferencia de Santa Cruz (CIT SANTA CRUZ), Argentina. ²CONICET, Centro Austral de Investigaciones Científicas (CADIC-CONICET), Argentina. ³Instituto de Ciencias del Ambiente, Sustentabilidad y Recursos Naturales (ICASUR) UNPA-UARG, Río Gallegos, Santa Cruz, Argentina. ⁴CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, IEGEBA (UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina. ⁵CONICET, Centro de Estudios Biomédicos, Básicos, Aplicados y Desarrollo (CEBBAD), Universidad Maimónides, CABA, Argentina. gestoestefania@gmail.com

El langostino *Pleoticus muelleri* se distribuye en el Océano Atlántico desde Brasil (20°S) hasta Argentina (50°S). Actualmente es el recurso de mayor importancia pesquera en Argentina. En este trabajo se evaluó si *P. muelleri* constituye una única población panmíctica a lo largo de toda su distribución. Se utilizó la técnica RADseq (secuenciación masiva de ADN asociado a sitios de restricción) sobre 42 individuos de 6 sitios de muestreo, i.e. Macaé (N=9), Rio Grande do Sul (N=2), Punta del Diablo (N=7), Rawson (N=12), norte (N=6) y sur (N=6) del Golfo San Jorge. Se realizó un filtrado de secuencias crudas y selección de loci (Stacks v2.4). Se llevó a cabo un análisis de estructuración poblacional mediante un análisis de componentes principales (PCA) y un agrupamiento Bayesiano (STRUCTURE v2.3.2). Los resultados indican la existencia de dos clústeres genéticos: uno al norte y otro al sur de su distribución, con presencia de híbridos en Rio Grande do Sul y Uruguay. Existen evidencias de eventos de surgencia en el Estado de Rio de Janeiro que podrían explicar parte de esta estructuración, y las poblaciones híbridas podrían constituir una zona de contacto secundario entre dos poblaciones genéticamente diferenciadas. Asimismo, se debe considerar la influencia de la cuenca del Plata y de las corrientes que confluyen en esta región. Se espera confirmar estos resultados incrementando el número de muestras y sitios de muestreo. Esto permitirá sentar las bases del conocimiento de la diversidad genética de esta especie, para diseñar mejores estrategias de manejo sustentable.

ESTUDIO FILOGENÉTICO DE BOVINOS CRIOLLOS LATINOAMERICANOS

Raschia M.A.^{1,2}, M.A. Poli³. ¹INTA, CICVyA, IGEAF, Buenos Aires, Argentina. ²FCM, UNLP, Buenos Aires, Argentina. ³FCAYV, USAL, Buenos Aires, Argentina. raschia.maria@inta.gob.ar

Los bovinos criollos son descendientes de aquellos traídos por los españoles durante la colonización y sometidos a selección natural, artificial y cruzamientos muy variables dependiendo de los países. Algunos constituyeron razas definidas por color y otros conservaron una gran diversidad de colores y formas. En general muestran gran adaptación a los diferentes ambientes. El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis filogenético preliminar para identificar agrupaciones entre bovinos criollos de América Latina y dentro de Argentina. Se usaron 44 bovinos criollos de Argentina, Colombia, Islas Guadalupe, Paraguay y Uruguay genotipificados con el chip GeneSeek® Genome Profiler Bovine 150K v2, y como grupos externos bovinos Holando y Jersey genotipificados con el chip BovineSNP50 v2 BeadChip de Illumina. Para el análisis se utilizaron 52 animales y 33.974 SNPs autosómicos compartidos por los dos chips que superaron el control de calidad de genotipos. Se construyó la matriz de distancias genéticas en base a la proporción de alelos idénticos por estado compartidos entre pares de animales utilizando PLINK. Mediante el método *neighbor-joining* se construyó un árbol filogenético en base a estas distancias con el paquete PHYLIP y se le dio formato para su visualización con el programa Fig Tree. El árbol filogenético obtenido permite diferenciar dentro de Argentina el origen de los animales del noroeste pertenecientes a los rodeos fundadores en la Asociación de Criadores, así como los de la Patagonia. Los animales del resto de los países también están claramente diferenciados.

DIFERENCIACIÓN Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN ALGARROBOS DEL DESIERTO DE ATACAMA (*Prosopis*, LEGUMINOSAE): EVIDENCIAS DE MOVIMIENTO ANTRÓPICO

Bessegá C.¹, C. Pometti¹, R. Fortunato², C. Santoro³, V. McRostie⁴. ¹Universidad de Buenos Aires, FCEyN, EGE-IEGEB, CONICET, Argentina. ²Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, INTA/CONICET/ESILYCA, UM, Buenos Aires, Argentina. ³Universidad de Tarapacá, Arica, Chile. ⁴Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
cecib@ege.fcen.uba.ar

Muchas especies de algarrobos tienen capacidades biológicas que les permiten adaptarse y desarrollarse en condiciones tan extremas como las del desierto de Atacama Chileno y ha sido propuesto que la Serie *Chilensis* habría sido introducida a esta zona por los seres humanos. Con el objeto de evaluar esta hipótesis, estudiamos el nivel de la variabilidad, diferenciación y estructura genética en poblaciones de *Prosopis* de este desierto. Se coleccionaron y genotipificaron 126 individuos de 13 poblaciones, divididas en sectores norte, centro y sur, mediante ocho *loci* SSR. Los resultados indicaron que las poblaciones, aunque son reducidas, presentan una alta diversidad genética ($H_O=0,61$; $A_r=3,41$). La diferenciación global fue significativa ($F_{ST}=0,128$; $p<0,0001$), aunque se detectaron inconsistencias en los valores de F_{ST} de a pares, cuando los sectores fueron analizados independientemente. La correlación entre las distancias genéticas y las distancias geográficas resultaron en todos los casos bajas, pero significativas ($r_{global}=0,37$; $p=0,010$). Los resultados de estructura genética señalaron al menos cuatro grupos genéticos y mostraron a las poblaciones del sector central con un importante nivel de mezcla. Estos resultados son compatibles con la barrera geográfica del desierto que habría actuado como obstáculo para un flujo génico natural, pero a su vez refuerza la hipótesis de una introducción antrópica y su convergencia cultural en el sector central del desierto, y estaría dando soporte a más de una oleada introductoria desde el exterior.

EL PAISAJE COMO ESCENARIO DE DISPERSIÓN ALÉLICA: POBLACIONES DE CURUPAY, DIVERSIDAD GENÉTICA Y PAISAJES HETEROGÉNEOS DEL SUR DE MISIONES

Goncalves A.L.¹, M.E. Barrandeguy¹, M.V. García¹. ¹FCEQyN, UNaM, Instituto de Biología Subtropical (UNaM-CONICET), CONICET, Misiones, Argentina.
alejgonc@gmail.com

La distribución espacial no aleatoria de genotipos es determinada por la acción de procesos microevolutivos operando en la trama del paisaje. Mediante una clasificación supervisada de cobertura terrestre se seleccionaron poblaciones de curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) en el sur de Misiones en sitios con diferentes porcentajes de cobertura de bosque: Candelaria (CA): 10%, Santa Ana (SA): 50%, San Juan (SJ): 60% y Loreto (LO): 70%. Se analizaron 74 individuos con siete *loci* microsatélites. Se caracterizó la diversidad genética mediante número de alelos por locus, riqueza alélica y heterocigosis. Se estimaron coeficientes de parentesco de a pares y se determinó la estructura genética poblacional. Las poblaciones SJ y LO presentaron elevada endogamia, en tanto que CA y SA presentaron alta heterocigosis. Los niveles de parentesco estadísticamente significativos y la estructura genética moderada serían consecuencia de la resistencia de la matriz, baja conectividad y/o estructura espacial a nivel de parche. En paisajes con baja cobertura de bosque (CA) se detectó la menor riqueza alélica, la cual podría ser resultado de tamaño poblacional reducido y/o baja conectividad; en paisajes con mayor cobertura de bosque (LO) se observó elevada endogamia por la formación de estructuras familiares; mientras que en paisajes con disponibilidad de hábitat y heterogeneidad media (SA y SJ) se detectó elevada diversidad genética. Así, en el sur de Misiones las poblaciones de curupay localizadas en paisajes con cobertura de bosque intermedia mantendrían elevada diversidad genética.

DIFERENCIACIÓN, VARIABILIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DEL MORFOTIPO ANDINO DE *Turnera sidoides* SUBESPECIE *pinnatifida*

Dabrio A.¹, N.E.A. Almirón^{1,2}, E.M.S. Moreno², E.N. Paredes¹, G.C. Silva¹, V. Solís Neffa^{1,2}. ¹IBONE (UNNE-CONICET).

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (FACENA), UNNE, Corrientes, Argentina. dabrioalfredo@gmail.com

Turnera sidoides (Passifloraceae, Turneroideae) es un complejo autoploiploide de hierbas alógamas perennes distribuido en el Dominio Chaqueño. Cuenta con cinco subespecies y siete morfotipos, que poseen diferentes niveles de ploidía ($x=7$). Estudios previos revelaron la existencia de dos centros de variación en el complejo. En el centro oeste se hallaron poblaciones diploides ($2n=2x=14$) y tetraploides ($2n=4x=28$) del morfotipo andino de la subespecie *pinnatifida*. Los diploides crecen en los valles interandinos (S de Bolivia y NOA) y los tetraploides en los pastizales de altura y valles subtropicales (NOA). A fin de contribuir al conocimiento de los procesos involucrados en la diversificación de *T. sidoides*, se analizaron genéticamente 107 individuos de tres poblaciones diploides y cinco tetraploides del morfotipo andino empleando AFLP. Los valores promedio obtenidos fueron $He=0,15$; $PLP=55,15\%$ y $Sh=0,22$. El AMOVA mostró una estructuración genética moderada ($\Phi_{ST}=0,22$), detectándose la mayor variación dentro de poblaciones, citotipos y regiones geográficas. Además, se identificaron dos grupos bayesianos ($K=2$) y cuatro barreras al flujo génico. Los resultados sugieren que los patrones de diversidad y estructura genética en el morfotipo andino estarían relacionados con la biología reproductiva de *T. sidoides* y las características del paisaje (biogeografía, topografía y clima). Asimismo, dichos resultados sustentan la hipótesis del origen múltiple de los tetraploides a partir de poblaciones diploides del morfotipo andino diferenciadas genéticamente en alopatria.

EVALUACIÓN DE LA INFLUENCIA DE LAS CARACTERÍSTICAS DEL SISTEMA REPRODUCTIVO EN EL ESTABLECIMIENTO DE LOS POLIPLOIDES DE *Turnera sidoides*

Solís C.J.¹, E. Kovalsky^{1,2}, S. Fernández¹, J.Roggero Luque¹, V. Solís Neffa^{1,2}. ¹IBONE (UNNE-CONICET). ²Facultad

de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (FACENA), Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina. cristianjaviersolis10@gmail.com

Turnera sidoides (Passifloraceae) es un complejo autoploiploide ($x=7$) con citotipos desde diploide ($2n=2x=14$) hasta octoploide ($2n=8x=56$), que difieren en su distribución geográfica pero co-ocurren en zonas de contacto. Estudios previos en algunas subespecies sugirieron que, aunque es alógama (es distila y autoincompatible), los casos ocasionales de autocompatibilidad aumentarían las posibilidades de establecimiento y expansión de los poliploides. A fin de probar esta hipótesis, se analizaron comparativamente las relaciones de compatibilidad entre tipos florales (L y B) en diploides, neopoliploides de zonas de contacto y poliploides establecidos de las cinco subespecies y siete morfotipos de *T. sidoides* mediante cruzamientos experimentales legítimos ($L \times B$ y $B \times L$), ilegítimos ($L \times L$ y $B \times B$) y autofecundaciones. De un total de 857 nuevos cruzamientos se detectaron casos exitosos de autocompatibilidad (5%) y cruzamientos ilegítimos (3%). El porcentaje de autofecundaciones y cruzamientos ilegítimos exitosos fue mayor en los poliploides establecidos que en los neopoliploides, aunque las semillas viables obtenidas de cruzamientos legítimos fue mayor en los últimos. Estos resultados sugieren que la contribución de los cambios en la biología reproductiva al establecimiento de las primeras generaciones de poliploides de *T. sidoides* es escasa. Sin embargo, la mayor frecuencia de autofecundaciones y cruzamientos ilegítimos exitosos en los poliploides establecidos sería una estrategia adaptativa durante su expansión geográfica.

EVALUACIÓN DE LA UTILIDAD DEL CÓDIGO DE BARRAS GENÉTICO PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LAS ESPECIES DE LA FLORA DEL GRAN CHACO

Baldi M.E.^{1,2}, M.L. Pérez^{1,3}, J.G. Seijo^{1,2}, V. Solis Neffa^{1,2}.

¹IBONE (UNNE-CONICET). ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (FACENA), Universidad Nacional del Nordeste (UNNE). ³Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), UNNE, Corrientes, Argentina. matiasbaldi29@gmail.com

El código de barras de ADN fue utilizado exitosamente en la identificación de especies de animales y hongos, así como en una amplia gama de estudios ecológicos y de conservación, pero su uso en plantas aún está en desarrollo. El Gran Chaco es una de las regiones de mayor importancia socio-ambiental de Sudamérica. Cuenta con más de 3400 especies de plantas, de las cuales aproximadamente 400 son endémicas. A fin de evaluar la utilidad del código de barras genético para la identificación de las especies de la flora chaqueña, se analizaron las secuencias de ITS y del gen cloroplástico *rbcl* recomendadas por el proyecto Internacional del Código de Barras de la Vida (IBOL). Se utilizaron 182 muestras pertenecientes a 83 géneros del Chaco Húmedo, Subhúmedo y Semiárido. Como resultado se aportaron 263 secuencias a la base Bold System, de ellas 153 son del gen *rbcl* (553 pb) y 110 de ITS (374 a 383 pb). El poder discriminatorio de las secuencias para la identificación de las especies se evaluó en la familia Fabaceae mediante un análisis filogenético de 44 especies. El análisis permitió discriminar géneros y en menor medida especies, siendo más informativa la región ITS. Si bien el análisis con las secuencias recomendadas por el consorcio IBOL es prometedor, sería necesario incorporar más secuencias para alcanzar la identificación inequívoca de especies.

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA EN POBLACIONES NATURALES DE *Paspalum malacophyllum* TRIN. DE ARGENTINA

Glücksberg A.¹, D.H. Hojsgaard², A.I. Honfi³, E.J. Martínez¹.

¹Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-UNNE-CONICET), Corrientes, Argentina. ²Albrecht von Haller Institute of Plant Science, Georg-August-University of Göttingen, Göttingen, Germany. ³Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal (IBS, CONICET-UNaM) nodo Posadas, Misiones, Argentina. adriglucks@gmail.com

Paspalum malacophyllum Trin. es la especie del subgénero *Anachyris* con mayor distribución geográfica, variación morfológica y hábitos de crecimiento. El objetivo de este trabajo fue analizar 15 variables morfológicas vegetativas y reproductivas de *P. malacophyllum* Trin., en 12 poblaciones naturales colectadas en Argentina (una de Santiago del Estero, dos Catamarca, tres Córdoba, cinco Salta y una de Jujuy). Las mediciones se realizaron durante el segundo año de establecidas las plantas a campo, y sobre 10 individuos por población. Se estimó la variabilidad intra- e inter-poblacional mediante análisis de la varianza, de conglomerados y análisis de componentes principales (ACP). Las variables que aportaron a una mayor variabilidad intra-poblacional fueron el largo del segundo entrenudo, número de racimos y largo del racimo superior. Las variables con menor variabilidad intra-poblacional fueron ancho de espiguilla y largo de espiguilla. Se observaron diferencias significativas ($p < 0,05$) inter-poblacionales para todas las variables evaluadas, excepto para ancho de espiguilla y largo de espiguilla. El largo de la inflorescencia fue el carácter más variable entre las poblaciones. Los dos primeros componentes del ACP explicaron un 50,5% de la variabilidad intra- e inter-poblacional observada. Estos resultados demuestran la gran variabilidad morfológica existente en la especie.

DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES DE ESPECIES DIPLOIDES SEXUALES DE *Paspalum* CON TIPOS DE FECUNDACIÓN DIFERENTES

Reutemann A.V.¹, A.I. Honfi², P. Karunaratne³, D.H. Hojsgaard³, M. Schedler⁴, E.J. Martínez¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-UNNE-CONICET), Corrientes, Argentina. ²Instituto de Biología Subtropical (IBS-UNaM-CONICET), Posadas, Argentina. ³Albrecht von Haller Institute of Plant Science, Georg-August-University of Göttingen, Göttingen, Germany. ⁴INTA, Misiones, Argentina. vreutemann@gmail.com

Paspalum es un género de gran diversidad de especies y sistemas genéticos. Se evaluaron los patrones de diversidad genética y la influencia del modo de polinización en poblaciones naturales de dos especies diploides sexuales de *Paspalum*. Se realizó un análisis molecular con tres marcadores AFLP en cuatro poblaciones de 20 individuos cada una de *P. indecorum* (autoestéril) y en cuatro poblaciones de *P. pumilum* (autofértil). Se estimaron diferentes índices de diversidad genética, AMOVA, análisis de cluster, ACoP y test de Mantel para ver la correlación con la distribución geográfica de las poblaciones. El número de bandas totales fue superior en las poblaciones de *P. indecorum*, pero el porcentaje de loci polimórficos fue similar en las dos especies. El número de genotipos diferentes y su representación equitativa dentro de las poblaciones, como los índices de Nei y Shannon, fueron más altos en las poblaciones de *P. indecorum*, ya que en todas las poblaciones de *P. pumilum* se observaron genotipos repetidos, aunque ninguno predominante. El AMOVA arrojó que las poblaciones de *P. pumilum* presentan una mayor estructuración ($\Phi_{ST}=0,301$) con respecto a las de *P. indecorum* ($\Phi_{ST}=0,108$). Se distinguieron dos clusters en *P. indecorum* y tres en *P. pumilum*, donde las poblaciones cercanas geográficamente presentan mayor similitud. Sin embargo, no hubo correlación con las distancias geográficas en ninguna de las especies ($p>0,05$). Los patrones de diversidad molecular encontrados se corresponden con el tipo de fecundación de cada especie.

IDENTIFICACIÓN GENÉTICA DE INDIVIDUOS DEL GÉNERO *Festuca* PROVENIENTES DE POBLACIONES NATURALES A LO LARGO DEL RANGO DE DISTRIBUCIÓN DE LA ESPECIE

Guidalevich V.¹, M.M. Azpilicueta¹, A. López¹, P. Marchelli¹. ¹IFAB (INTA Bariloche-CONICET), Río Negro, Argentina. guidalevich@gmail.com

La especie nativa *Festuca pallescens* presenta una amplia distribución geográfica que cubre la Patagonia. Por su alto valor forrajero está incluida en un programa de domesticación del INTA. Su nicho ecológico se solapa en parte con el de *Festuca argentina* (tóxica para el ganado) y con un ecotipo híbrido previamente descrito y hallado en la meseta de Somuncura, con el que puede ser confundida a campo. Se desconoce si el ecotipo también es tóxico y cuál es su distribución geográfica. Los objetivos de este trabajo fueron identificar zonas de la Patagonia con presencia del ecotipo, y corroborar la pertenencia taxonómica del material utilizado en el programa de domesticación de *F. pallescens*. Se extrajo ADN de 20 poblaciones desde el norte neuquino al sur de Santa Cruz. Se amplificó la región ITS que permite reconstrucciones filogenéticas y se complementó con el marcador trnL-F de cloroplasto. Los fragmentos fueron secuenciados y alineados con secuencias consenso de *F. pallescens*, *F. argentina*, del ecotipo y de otras especies nativas del género. Los análisis con ITS permitieron determinar la presencia del ecotipo en la zona de Meliquina (sur de Neuquén) además de Somuncura (sur de Río Negro), y se corroboró que el resto de las muestras corresponden a *F. pallescens*. Entre éstas, cuatro individuos del norte neuquino se diferencian del resto. Con el marcador trnL-F se identificó el haplotipo más común de la especie, y posibles indicios de hibridación con *Festuca gracillima*. Análisis en curso permitirán confirmar las diferencias y determinar el estatus taxonómico.

EVALUACIÓN DE LA DORMICIÓN EN BIOTIPOS DE *Brassica rapa* L. RESISTENTES A GLIFOSATO E INHIBIDORES DE LA ENZIMA AHAS

Tillería S.G.¹, C.E. Pandolfo¹, M.S. Ureta², A. Presotto¹.

¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. ²Departamento de Agronomía, UNS, Bahía Blanca, Argentina.

tilleria.sofia@gmail.com

El nabo silvestre (*Brassica rapa*) es una maleza ampliamente distribuida en el mundo, incluyendo la región pampeana Argentina. En el año 2012 se hallaron en la provincia de Buenos Aires poblaciones de *B. rapa* con el transgén de resistencia a glifosato y resistencia a inhibidores AHAS. El éxito de una planta invasora en la colonización de nuevos hábitats podría estar influenciado por una fuerte selección en la dormición de sus semillas. El objetivo de este trabajo fue evaluar en poblaciones de *B. rapa*, el efecto de la incorporación del carácter de resistencia a herbicidas sobre la dormición. Se determinó la germinación (%) de dos poblaciones resistentes y cuatro susceptibles provenientes de diferentes regiones del país, bajo dos temperaturas constantes (10 y 25 °C), en condiciones de luz y oscuridad. Como controles se usaron nueve cultivares de *B. rapa* de distintos países y uno de colza *B. napus*. Se detectaron diferencias significativas entre los distintos biotipos analizados mediante ANOVA. La población resistente a glifosato e inhibidores AHAS presentó baja dormición con respecto al resto de los biotipos silvestres, asemejándose a las formas cultivadas. La temperatura disminuyó la dormición de las semillas, mientras que el efecto de la luz no fue consistente, aumentando la dormición a 10 °C y disminuyéndola a 25 °C. Si bien el estudio sugiere que la población con resistencia a glifosato e inhibidores AHAS posee baja dormición, no puede asociarse necesariamente a la resistencia o hibridación con el cultivo, ya que la otra población resistente presentó alta dormición.

ESTUDIO DEL EFECTO DE UN TRANSGÉN EN UNA POBLACIÓN SILVESTRE DE NABO (*Brassica rapa* L.)

Pandolfo C.E.¹, N.B. Suárez², S.G. Tillería¹, M.S. Ureta¹, A. Presotto². ¹Departamento Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. ²Departamento Agronomía, UNS, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

El flujo génico entre cultivos transgénicos y especies silvestres puede llevar al escape de transgenes. Uno de los riesgos posibles de esta situación es una reducción en la diversidad genética de la población silvestre, debido a la selección indirecta de alelos comunes ligados al transgén, cuando este se dispersa rápidamente por ser beneficioso (*selective sweep*). Si bien la introgresión de transgenes no es un hecho común, se conocen al menos cinco casos a nivel mundial, y uno se encuentra en Argentina. Poblaciones de nabo silvestre (*Brassica rapa*) con el transgén de resistencia a glifosato se encuentran ampliamente distribuidas en la provincia de Buenos Aires. En este estudio preliminar, se comparó una población de nabo transgénico colectada en Balcarce en 2016, con una accesión de la misma población colectada en 2008, seis años antes de la primera detección del transgén. Estos biotipos fueron criados en jardín común, junto con accesiones de años intermedios, y caracterizados morfológicamente. Se encontraron diferencias significativas en el ciclo y tamaño de planta entre las accesiones de 2008 y 2016. Sin embargo, estas diferencias se observaron también entre 2008 y el resto de las accesiones (2009/10/11), por lo que no serían atribuibles al transgén. Una razón que podría explicar estos resultados es la fuerte sequía del verano 2008/09, que afectó a la población original, y que habría ejercido una selección rápida sobre caracteres como la precocidad, involucrados en la supervivencia a este tipo de estrés.

APTITUD BIOLÓGICA DE HÍBRIDOS CULTIVO X SILVESTRE DE GIRASOL *Helianthus annuus* L. EN TRES AMBIENTES CONTRASTANTES

Fanna I.J.¹, F. Hernández¹, K. Mercer², A. Presotto^{1,3}.

¹CERZOS-CONICET Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. ²Department of Horticulture and Crop Science, Ohio State University, Columbus, OH, USA.

³Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

ifanna@cerzos-conicet.gob.ar

La transferencia de alelos del cultivo a plantas silvestres (ej.: resistencia a herbicidas) por hibridación puede conllevar a la aparición de nuevos biotipos de malezas. Sin embargo, el ambiente y el efecto materno juegan un rol importante en el éxito reproductivo de estos híbridos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la aptitud biológica de híbridos cultivo x silvestre de girasol en ambientes contrastantes. En el periodo abril-2019/abril-2020, se realizó un ensayo con un diseño de parcelas divididas con cinco repeticiones y tres ambientes contrastantes: ruderal (competencia permanente con especies espontáneas, RUD), agrestal 1 (competencia temprana con trigo, AGR1) y agrestal 2 (competencia tardía con maíz, AGR2). En cada ambiente se sembraron ocho biotipos: tres poblaciones silvestres, cuatro híbridos recíprocos (madre silvestre x padre cultivado y viceversa, con dos poblaciones silvestres), y el voluntario de un cultivar de girasol. Al final del ciclo se contó el número de capítulos por parcela de cada biotipo (estimación de la aptitud biológica). En RUD, los biotipos silvestres tuvieron mayor aptitud que los híbridos cultivo x silvestre, aunque esa relación fue inversa en AGR2 e intermedia en AGR1. En general, los híbridos con madre silvestre mostraron menor aptitud que sus contrapartes con madre cultivada en los tres ambientes. En conclusión, en los ambientes agrestales, los híbridos cultivo x silvestre tuvieron mayor aptitud indicando que bajo estos escenarios aumentarían las probabilidades de introgresión, especialmente si el parental materno es el cultivo.

ROL DEL EFECTO MATERNO SOBRE LAS PRIMERAS ETAPAS DE VIDA EN HÍBRIDOS RECÍPROCOS CULTIVO-SILVESTRE DE GIRASOL (*Helianthus annuus* L.)

Vercellino R.B.¹, F. Hernández², I.J. Fanna², I. Diez², G. Fernández Reyes², A. Presotto². ¹Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

²CERZOS, Departamento Agronomía, UNS-CONICET, Bahía Blanca, Argentina.

rbvercellino@cerzos-conicet.gob.ar

Los híbridos cultivo-silvestre comúnmente muestran fenotipos intermedios a sus padres. Sin embargo, los efectos maternos pueden alterar el resultado de la hibridación. En este trabajo, se evaluó el efecto materno sobre la emergencia y establecimiento de plántulas en condiciones de campo y sobre el fenotipo de plántulas de girasol criadas en condiciones controladas. En condiciones de campo, se utilizaron dos materiales silvestres con niveles de dormición contrastante, alta (BAR) y baja (DIA), un cultivo (CROP) y sus híbridos recíprocos cultivo-silvestre. En condiciones controladas, tres temperaturas contrastantes (15/10, 22/18 y 30/26 °C) con 12 hs. de fotoperíodo, dos materiales silvestres (BAR y RCU), CROP y sus híbridos recíprocos cultivo-silvestre. En condiciones de campo, BAR invernaó como semillas mientras que DIA y CROP emergieron (~50%) en otoño, resultando en diferencias en supervivencia y establecimiento de plántulas en primavera. Los híbridos recíprocos cultivo-silvestre se asemejaron al parental materno. En condiciones controladas se observaron fuertes efectos maternos sobre los caracteres en los cuales sus padres difirieron. El tamaño de cotiledón explicó la mayor parte de la variación, sugiriendo que los efectos maternos sobre el tamaño de semilla perduraron hasta, al menos, el estadio V4. Los efectos genéticos maternos sobre las primeras etapas de vida mostraron un rol ecológico y evolutivo clave al afectar el establecimiento y el fenotipo de los híbridos cultivo-silvestre, por lo tanto, deberían ser abordados en los estudios de hibridación.

VARIACIÓN MOLECULAR DE *Plasmopara halstedii* EN ARGENTINA MEDIANTE MARCADORES BASADOS EN REPETICIONES DE SECUENCIA SIMPLE (SSR)

Martínez, A.L., Garayalde, A., Petruccelli, M., Erreguerena, I., Quiroz, F., Carrera, A. INTA EEA Balcarce, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. almartinez@cerzos-conicet.gob.ar

Con el objetivo de explorar la variabilidad del patógeno *P. halstedii* (Farl.) Berl. et de Toni, causante del mildiu de girasol en Argentina, se emplearon ocho *loci* SSR en 42 aislamientos colectados en 2013 a 2018 de las regiones Centro (Buenos Aires) y Norte (Chaco y Santa Fe). Se determinaron las razas de los aislamientos en ensayos de patogenicidad ante líneas diferenciales de girasol. Se calculó el número de alelos por *locus*, heterocigosis observada y esperada (Ho y He). La matriz de distancia genética se sometió al análisis AMOVA, con regiones (dos), años (cuatro) y razas (seis) como fuentes de variación. Se definieron grupos poblacionales por método bayesiano. El número medio de alelos por *locus* fue 2,6 variando de 1 a 4 (21 totales). En 2017 se observó el mayor número de alelos y de razas. Ho y He promedio fueron 0 y 0,369, respectivamente. A través del AMOVA, se encontró variación genética atribuible a diferencias entre regiones (7 %) y entre años (32 %), pero no se encontró diferenciación genética asociada a razas. Asimismo, no se observó correlación entre distancia geográfica y genética (Mantel, $r = 0,114$). El análisis de estructura poblacional del *P. halstedii* en Argentina mostró cuatro grupos, explicados principalmente por el factor año. La ausencia de heterocigotos se asocia a la reproducción sexual predominantemente homotálica de *P. halstedii*. El incremento de la variabilidad genética observado en los últimos años podría estar relacionado con la reciente aparición de nuevas variantes patogénicas en nuestro país, causantes de pérdida de eficacia de genes de resistencia y/o de fungicidas.

POTENCIAL DE LÍNEAS FLINT DEL NORTE DE EUROPA PARA MEJORAR EL RENDIMIENTO DEL MAÍZ DEL PATRÓN HETERÓTICO REID × LANCASTER

Genin, A.N.¹, C. López², J. Doll³, F. S. Montiel¹, S. Incognito². ¹KWS Argentina S.A. Córdoba, Argentina. ²IIPAAS-FCA, UNLZ, Buenos Aires, Argentina. ³FCA UNLZ, Buenos Aires, Argentina. alejandro.genin@kws.com

La selección de progenitores es una tarea fundamental en el desarrollo de cultivares híbridos dentro de un programa de mejoramiento genético. Una mayor atención deber ser puesta en identificar germoplasma con alelos favorables no presentes en los materiales élite. En el presente estudio, se evaluó un grupo de cinco líneas Flint del Norte de Europa (FNE) de ciclo FAO100 (PD1-5) y una línea adaptada de ciclo FAO700 (PD6) como padres donantes (PD) de alelos favorables para mejorar el rendimiento en grano (RG) de cuatro híbridos élite (HE) representativos del patrón heterótico Reid × Lancaster formado por los cruzamientos de dos líneas parentales élite (P) de cada grupo heterótico. Las seis PD, las dos P, los cuatro HE, los 24 cruzamientos PD×P y ocho testigos comerciales se evaluaron en 4 ambientes para RG. Las FNE, PD1 y PD6, generaron cruzamientos de RG comparable o superior a los testigos comerciales y fueron selectas como potenciales fuentes de alelos favorables por su elevada aptitud combinatoria general. También se evaluó la divergencia entre PD y P mediante un método biométrico y utilizando 9658 marcadores SNPs. La evaluación biométrica y molecular establecieron que para introgresar alelos desde PD1 y PD6, se las debe cruzar con P1 y derivar líneas por autofecundación directa de la F₂. Los resultados indican que las FNE representan una fuente potencial de variabilidad genética útil para mejorar el RG del patrón heterótico Reid × Lancaster.