

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

POPULATION GENETICS AND EVOLUTION

GPE 1

MÉTODO DE EXTRACCIÓN DE ADN AMBIENTAL EN ECOSISTEMAS DULCIACUÍCOLAS

De la Cruz López D.J.¹, L. Moreno¹, S. Marsa², M.E. Vásquez Gómez². ¹Área de Ecología, Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina; ²Laboratorio de Diabetes, Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina. E-mail: davidjosedelacruzlopez@gmail.com

Los seres vivos tienen la particularidad de liberar ADN en su ecosistema debido a procesos fisiológicos, éste es denominado ADN ambiental. Muchos estudios usan técnicas de “*Barcoding*” para la búsqueda indirecta de organismos usando ADN ambiental. Como objetivo se buscó poner a punto un método de extracción de ADN ambiental en ecosistemas dulciacuícolas. Las muestras fueron tomadas del parque japonés de la Universidad Nacional de San Luis y de dos puntos del río del Volcán en San Luis. Se evaluaron diferentes métodos de filtrado y cantidades de muestra a filtrar. Los kits de extracción ensayados fueron QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen) y High Pure PCR Template Preparation Kit (HP-PCR-TP Kit, Roche) para sangre periférica, NucleoSpin DNA Water (Macherey Nagel) y distintas cantidades de proteinasa K. La cantidad e integridad del ADN fue evaluada por espectrofotometría y mediante un gel de agarosa al 1%, teñido con Gel Red, respectivamente. Se obtuvo ADN solo con HP-PCR-TP Kit y el Kit NucleoSpin DNA Water. La mejor cantidad y calidad de ADN se obtuvo filtrando 1.000 ml de agua o hasta que el filtro se saturara en una bomba de filtrado al vacío con filtros “GN-6 Metrical®” de poros de 0,45 μm . Se utilizaron dos filtros en el HP-PCR-TP Kit, se le adicionaron 40 μl de buffer de lisis e incubó 40 min, luego se adicionaron 40 μl de proteinasa K y la muestra se calentó a 55° C por 30 min en un baño maría, después se siguieron las indicaciones del fabricante. Se obtuvieron mejores resultados con HP-PCR-TP Kit, el cual no es específico para muestras de agua. Este método fue más económico y efectivo.

GPE 2

INFLUENCIA DEL TAMAÑO POBLACIONAL Y DE LA MIGRACIÓN SOBRE LA REDUCCIÓN DE LA HETEROCIGOSIS RESULTANTE DE LA ACCIÓN DE DERIVA GENÉTICA Y ENDOCRÍA

López Hermann F.A.¹, M.V. García^{1,2}, M.E. Barrandeguy^{1,2}. ¹Laboratorio de Genética de Poblaciones y Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas, UNaM – CONICET, Misiones, Argentina. E-mail: fatimalopezhermann0@gmail.com

En genética de poblaciones pequeñas la acción de la deriva genética y de la endocría es central en el mantenimiento de la diversidad genética. El objetivo del trabajo fue cuantificar, mediante simulaciones computacionales, la influencia conjunta del tamaño poblacional y de la migración sobre la reducción de la variabilidad genética, medida como heterocigosis, resultante de deriva genética y/o endocría. Se obtuvieron pseudodatos moleculares mediante simulaciones de 10 *loci* SSRs en 180 individuos diploides tomados de nueve subpoblaciones de tamaño N , considerando deriva genética en cada subpoblación y migración entre subpoblaciones adyacentes. Se simularon cuatro escenarios combinando dos tamaños de subpoblación ($N_A=100$; $N_B=20$) y dos tasas de migración ($m_C=0,5$; $m_D=0,005$). Por escenario se simularon 100 conjuntos de datos y se estimó la heterocigosis esperada (H_e), el índice de fijación (F_{ST}) y el coeficiente de endocría poblacional (F_{IS}). Los resultados indicaron que cuando la tasa de migración era baja la reducción del tamaño poblacional generaba mayor pérdida de heterocigosis ($H_e=0,511$) y aumentaba la diferenciación genética entre subpoblaciones ($F_{ST}=0,519$) por acción de la deriva genética. Además, los cambios en el tamaño y tasa de migración no produjeron reducción de heterocigosis por endocría ($F_{IS}=0,055$). Así, en poblaciones pequeñas la reducción de heterocigosis fue mayor como resultado de la combinación de deriva genética con una baja tasa de migración, mientras que el no detectarse efectos de endocría podría deberse a la falta de incorporación de una escala temporal en los modelos.

GPE 3

ORÍGENES: HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES EN UNA COLONIA DE ORIGEN SUIZO DE MISIONES

Cutó F.S.^{1,2}, P.N. Ravarino^{1,2}, D.J. Sanabria³, M.E. Totaro^{1,2}, M. Mampaey², D.J. Liotta^{2,4}, I. Badano^{1,2,3}. ¹Laboratorio de Antropología Biológica y Bioinformática Aplicada, UNaM, Misiones, Argentina; ²Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina; ⁴Instituto Nacional de Medicina Tropical (INMeT) ANLIS "Dr. Carlos Malbrán", Puerto Iguazú, Misiones, Argentina E-mail: sebastian.cuto@gmail.com

El ADN mitocondrial (ADNmt) es un genoma pequeño extranuclear, no recombinante, de herencia estrictamente materna, empleado para identificar los orígenes etno-geográficos de los individuos. El objetivo fue determinar los haplogrupos (Hg) del ADNmt en una localidad del interior de Misiones y compararlo con el origen de los apellidos paternos, caracterizados por su herencia patrilineal. Se analizaron 76 muestras. Los y las participantes residían en Ruiz de Montoya, una colonia fundada en 1920 por inmigrantes europeos. Se contó con el consentimiento informado y el aval del Comité de Ética en Investigación (CEI). Los Hg se determinaron mediante PCR y secuenciación de la Región Hipervariable -1 (HVS-1). El origen de los apellidos fue determinado con la base de datos del CEMLA (www.cemla.com) y Geneanet (www.es.geneanet.org/apellidos). Las comparaciones se realizaron empleando el test exacto de Fisher. Se identificaron 13 Hg (A, B, C, D, H, HV, J, K, N, T, U, V, W) y se determinó un aporte del 43% amerindio y 57% europeo. El Hg más frecuente fue el H (20%) seguido por el U y el B (13% c/u). Los apellidos fueron 82% de origen europeo, 12% no europeo y 6% sin determinar. Las diferencias entre ambos marcadores fueron significativas (<0,05). En conclusión, se determinó una importante contribución europea de Hg mitocondriales, lo cual coincide con el registro histórico de poblamiento de Misiones. Por otra parte, los apellidos también sugieren la existencia de contribuciones direccionales a nivel patrilineal. Futuros estudios de cromosoma Y ayudarán a confirmar estos resultados.

GPE 4

HISTORIA DEL MESTIZAJE EN EL NOROESTE ARGENTINO: CORRELACIÓN DE ORIGEN ENTRE LINAJES GENÉTICOS Y ANTROPONÍMICOS

Alfaro E.^{1,2}, S.A. Geronazzo², G. Bailliet³. ¹Instituto de Ecorregiones Andinas, UNJu – CONICET, Jujuy, Argentina; ²Instituto de Biología de la Altura, UNJu, Jujuy, Argentina; ³IMBICE-CCT-La Plata, CIC-UNLP, La Plata, Argentina. E-mail: emma.alfarogomez@gmail.com

La población argentina procede del mestizaje de tres poblaciones principales: nativos americanos, europeos y africanos, proceso que presenta marcadas diferencias regionales. En este trabajo se analizó la conformación de la población actual del Noroeste Argentino (NOA) integrando información molecular y genealógica para comprender la historia de mestizaje en la región. Se incluyeron 1.020 participantes de sexo masculino que cuentan con la determinación del haplogrupo al que pertenece su cromosoma Y con origen geográfico asignado y con apellido clasificado por origen geolingüístico. Además, se analizaron los datos de lugar de nacimiento de abuelos paternos y los haplotipos de 210 individuos. El NOA en conjunto, muestra fuerte asociación entre haplogrupos nativo-americanos y apellidos autóctonos siendo los individuos de Jujuy los que presentan las mayores probabilidades iniciales de tener un haplogrupo nativo-americano y un apellido autóctono. Al considerar haplotipos, apellidos y origen del abuelo paterno se identificaron casos de coincidencia de origen y también apellidos polifiléticos y transmisión materna del apellido. La complementariedad entre el origen de los linajes del cromosoma Y y los apellidos encontrada permitió realizar un análisis genético, demográfico e histórico de la contribución relativa de población inmigrante, tanto americana como de ultramar, en la constitución de poblaciones actuales del NOA.

GPE 5

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DEL HAPLOGRUPO C1 DE MISIONES

Ravarino P.N.^{1,2}, F.S. Cutó^{1,2}, D.J. Sanabria³, A.E. Ocampo^{2,3}, M.E. Totaro^{1,2}, I. Badano^{1,2,3}. ¹Laboratorio de Antropología Biológica y Bioinformática Aplicada, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina. Email: inesbadano@gmail.com

El origen del aporte amerindio a la población de Misiones es fragmentario e incompleto. El análisis de la región HVS-1 del ADN mitocondrial ha permitido determinar que un 23% de la población presenta Haplogrupo amerindio C1 (HgC1). En este contexto, el objetivo fue analizar las relaciones filogenéticas del HgC1 de Misiones con pueblos originarios contemporáneos y antiguos disponibles en base de datos. Con este fin, se analizaron 63 secuencias de Misiones, 59 secuencias de ADN moderno de la región del Centro, Gran Chaco y Salta y 40 secuencias de ADN antiguo de poblaciones sudamericanas, todas disponibles en GenBank. El set de datos (n=162 y 462 pb) fue alineado con Muscle y el modelo evolutivo fue seleccionado en función del criterio BIC (Hasegawa-Kishino-Yano). La reconstrucción filogenética fue realizada con Maximum Likelihood y 100 bootstraps en MEGA7. La topología del árbol permitió identificar 13 clusters con soporte >50 y resolver el agrupamiento de 27 muestras de Misiones. Se identificaron tres patrones: Misiones con muestras antiguas del Perú (dos muestras y dos clusters), Misiones con muestras modernas del Gran Chaco y Centro de Argentina (una muestra y un cluster) y Misiones (24 muestras y 10 clusters). En nuestro dataset, el 89% de los HgC no estuvieron relacionados con otras secuencias modernas o antiguas de la región. Será necesario ampliar nuestro análisis a otras regiones geográficas para determinar el origen de la matriz amerindia de la población.

GPE 6

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN DE LA PROPORCIÓN DE SEXOS EN LOS PICHONES DEL YETAPÁ DE COLLAR (*Alectrurus risora* Vieillot, TYRANNIDAE).

Kraemer S.¹, A.S. Di Giacomo¹, A.G. Di Giacomo², B. Mahler^{3,4}, C. Kopuchian¹. ¹Laboratorio de Biología de la Conservación, Centro de Ecología Aplicada del Litoral- CONICET, Corrientes, Argentina; ²Departamento de Conservación, Aves Argentinas/Birdlife Argentina, Buenos Aires, Argentina; ³Laboratorio de Ecología y Comportamiento Animal (LEyCA), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA) – CONICET, Buenos Aires, Argentina; ⁴Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN), Univ. de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina. E-mail: skraemer98@gmail.com

La hipótesis de Trivers-Willard predice que los desvíos en la proporción de sexos de los pichones de especies poligínicas están relacionados con la condición corporal de los parentales o las características del ambiente en el que crían. El Yetapá de Collar (*Alectrurus risora* Vieillot) es un ave que habita y se reproduce en pastizales naturales de Argentina y Paraguay, encontrándose amenazada a nivel global (estado Vulnerable). Se conoce la existencia de diferencias en el éxito reproductivo de los individuos de ambos sexos según el ambiente en el que nidifican en la Reserva Ecológica El Bagual, Formosa, siendo mayor en los individuos que anidan en los pastizales de zonas altas. En base a esto, analizamos si existían desvíos en la proporción de sexos de los pichones según el ambiente de nidificación. Sexamos molecularmente 105 pichones pertenecientes a cuatro temporadas reproductivas. El análisis poblacional de la proporción de sexos entre pichones no mostró diferencias significativas entre pastizales. Sin embargo, al analizar las temporadas por separado, encontramos un desvío significativo hacia machos en la temporada 2008-2009. En las restantes temporadas no se encontraron desvíos significativos en la proporción de sexos. Nuestros resultados no muestran que existan desvíos en la proporción de sexos en los pichones de esta especie según el ambiente donde nidifican, sin embargo, encontramos indicios de que las características de cada temporada podrían influir en la existencia de sesgos.

GPE 7

EFFECTOS FENOTÍPICOS EN EL ESCARABAJO COPRO-NECRÓFAGO *Canthon quinquemaculatus* Castelnau: EL ROL DEL USO DE LA TIERRA Y EL CONTEXTO REGIONAL (MISIONES, ARGENTINA)

Galeano M.B., C. Guerra Alonso, S. Soto, G. Zurita. UBA Exactas, Buenos Aires, Argentina. E-mail: marianabeleng@gmail.com

La respuesta de las especies al disturbio antrópico depende del contexto regional y la historia evolutiva de las poblaciones. El Chaco Húmedo y el Bosque Atlántico constituyen bosques subtropicales del norte de Argentina que comparten especies, pero con bajo flujo génico entre poblaciones. Nuestro objetivo fue estudiar la influencia del contexto regional en la respuesta fenotípica del escarabajo estercolero *Canthon quinquemaculatus* a la ganadería en estos bosques. Nos preguntamos si la respuesta morfológica intraespecífica depende de las características de la población. Medimos 18 rasgos morfológicos del cuerpo y las extremidades relacionados al potencial excavador, alimentación y nidificación de la especie. Utilizando relaciones alométricas, análisis multi-rasgo y de rasgos individuales comparamos la morfometría de los individuos de bosques nativos y áreas ganaderas en ambas regiones. Los individuos de bosque y pasturas fueron morfológicamente diferentes entre ambientes y regiones. Si bien la ganadería tuvo un impacto sobre la morfología de los individuos, la respuesta fue diferente entre regiones. Las variaciones fenotípicas observadas en este trabajo como respuesta a la presión generada por el disturbio antrópico, podrían explicarse mediante microevolución, plasticidad o un conjunto de ambas. Comprender los procesos de adaptación y respuesta a nivel genético de las poblaciones es importante a la hora de la toma de decisiones en cuanto a ambientes a conservar y cómo manejar las matrices antrópicas que los rodean, para una mayor sustentabilidad.

GPE 8

VARIABILIDAD DEL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO OXIDASA I (COI) EN EL ORTÓPTERO PLAGA *Dichroplus elongatus* Giglio-Tos (ACRIDIDAE)

Rosetti M.E.N., M.I. Remis. IEGEBA, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CABA, Argentina. E-mail: deedeemolesta@yahoo.com.ar

Dichroplus elongatus es un acrídido de amplia distribución geográfica, considerado plaga de cultivos debido a su capacidad para incrementar su tamaño poblacional. Estudios previos, analizando 526 pb del gen mitocondrial *citocromo oxidasa I (COI)*, demostraron una moderada señal filogeografía entre poblaciones del Centro-Este de Argentina. El presente trabajo analizó la variación de secuencias del mismo gen en poblaciones de *D. elongatus* de las provincias de Córdoba, La Pampa y San Luis con el objeto de lograr una mejor caracterización de la especie en su área de distribución. En el área analizada se detectaron nueve haplotipos definidos por 19 sitios polimórficos. Los dos haplotipos con mayor incidencia coincidieron con los haplotipos predominantes detectados previamente. Además, se identificaron cinco haplotipos nuevos. La población del norte de La Pampa exhibe niveles bajos de diversidad nucleotídica y haplotípica, además de evidenciar señales de inestabilidad demográfica. Las poblaciones de San Luis y sur de Córdoba poseen niveles altos de diversidad nucleotídica y haplotípica y son estables demográficamente. La disminución relativa en la diversidad de ADNmt al norte de la provincia de La Pampa podría ser resultado de cuellos de botella y posterior expansión poblacional histórica. El análisis de la variación molecular (Φ_{ST} y F_{ST}), considerando también las poblaciones de Córdoba previamente estudiadas, demostraron diferenciación significativa entre y dentro de poblaciones. La señal filogeográfica detectada podría explicarse por conexiones históricas mediadas por flujo génico, así como por procesos demográficos.

GPE 9

DESARROLLO DE MARCADORES MOLECULARES MEDIANTE GBS- DDRADSEQ EN *Diatraea saccharalis* Fabricius

Corach A.^{1,2}, C.V. Filippi^{1,3}, F. Flores⁴, M.N. Ulrich¹, H. Andrada⁵, H.E. Hopp⁶, D.S. Tosto^{1,2}. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Biotecnología IABIMO UEDD- INTA CONICET, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET, Argentina; ³Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ⁴EEA Marcos Juárez - INTA, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina; ⁵AER Quines INTA, Quines, San Luis, Argentina; ⁶Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina. E-mail: corach.alejandra@inta.gov.ar

La resistencia a lepidópteros es uno de los caracteres principales de los cultivos de maíz transgénicos sembrados en el país y constituye una gran presión selectiva sobre las especies blanco de acción de las toxinas Bt. En Argentina se reportó la resistencia al maíz Bt en *Diatraea saccharalis* por primera y única vez en la localidad de Quines, San Luis, en 2013. A fin de desarrollar herramientas moleculares que permitan monitorear la evolución de la resistencia, se realizó un ensayo de genotipificado por secuenciación, con doble digestión enzimática (GBS-ddRADseq). Se seleccionaron las enzimas *MobI* y *EcoRI*, y un rango óptimo de selección por tamaño de 400-500 pb. Se genotipificaron individuos resistentes y susceptibles. Se generaron en promedio 1,33 M de lecturas pareadas por muestra (Illumina, 2x250 pb). El mapeo contra el genoma de referencia de la especie (versión draft) rindió entre 66,09% y 68,48% lecturas mapeadas para los distintos individuos. El análisis de estos datos con el *software* Stacks, seguido de un filtrado astringente, permitió identificar 17.342 SNPs en 6.854 regiones polimórficas. En paralelo, se utilizó el *software* MISA para la identificación de marcadores SSR, detectándose 87 SSRs polimórficos. Las herramientas moleculares aquí generadas podrán ser utilizadas tanto en análisis poblacionales como para realizar estudios que permitan analizar posibles mecanismos involucrados en la resistencia al maíz Bt en la especie.

GPE 10

LAS BASES GENÉTICAS DE LA CAPACIDAD DE VUELO EN *Drosophila melanogaster* Meigen

Flaibani N., M.C. Sabio, J.J. Fanara, V.P. Carreira. Laboratorio de Evolución-IEGEB- Facultad de Cs Exactas y Naturales, UBA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: n.flaiba@hotmail

El vuelo de los insectos está involucrado en diversos comportamientos y se relaciona con distintos tipos de caracteres (morfológicos, fisiológicos, etc.) por lo que se espera que esté sujeto a presiones selectivas diferenciales y presente una arquitectura genética compleja. El objetivo de este trabajo fue estudiar las bases genéticas de dos estimadores de la capacidad de vuelo (CV): la proporción de tiempo en vuelo (PTV) y su robustez (RO), estimada como el coeficiente de variación de la PTV. Se emplearon moscas de ambos sexos de 53 líneas de *Drosophila melanogaster* derivadas de una población natural cuyos genomas están secuenciados. El análisis mediante modelos lineales generales mixtos permitió detectar variabilidad genética para ambas variables. Los análisis de asociación genotipo-fenotipo permitieron identificar 53 y 80 regiones génicas variables asociadas a la variación de PTV y RO, respectivamente. Estos polimorfismos están distribuidos en 24 genes para PTV y en 46 para RO, habiendo sólo uno en común entre ambas variables. Los polimorfismos detectados fueron sexo-específicos y se concentraron en las hembras. El análisis de ontología génica realizado con los genes candidatos identificados en conjunto permitió detectar un enriquecimiento en procesos biológicos asociados a neurogénesis, morfogénesis, desarrollo muscular y, en menor medida, la adhesión y la diferenciación celular. Nuestros resultados revelan que la CV presenta una base poligénica y sexo-dependiente, formada por varios genes candidatos, de los cuales algunos ya fueron asociados a este carácter y otros son novedosos.

GPE 11

ARQUITECTURA GENÉTICA DE LA FORMA DEL ALA DE *Drosophila simulans* Sturtevant

Turdera L., J.J. Fanara, V.P. Carreira. Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, DEGE-FCEN-UBA, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, IEGEBA-CONICET, CABA, Argentina. E-mail: lu.turdera@gmail.com

El estudio de los mecanismos que promueven la evolución morfológica constituye un aspecto central de la biología evolutiva que debe incluir el análisis de los factores genéticos y ambientales que causan la variación fenotípica. En ese sentido, múltiples investigaciones han mostrado que el ala de *Drosophila* constituye un modelo adecuado para tales estudios ya que tanto su tamaño como su conformación son caracteres hereditarios que se correlacionan con varios componentes del *fitness*. En este trabajo analizamos la variabilidad genética (VG) y plasticidad fenotípica (PF) de la forma del ala en líneas isogénicas de *D. simulans* derivadas de una población natural. Particularmente, cuantificamos el tamaño de centroide (TC) y las deformaciones relativas (DR) -como estimadores del tamaño y la conformación alar respectivamente- en machos de cada línea isogénica criados en diferentes temperaturas (17° C y 25° C). Los resultados mostraron que ambos caracteres (TC y DR) presentaban una variación significativa entre líneas; una diferencia fenotípica significativa entre temperaturas, siendo mayor el TC a 17° C -observado en otras investigaciones- y una interacción línea-temperatura significativa. En conclusión, nuestros resultados en *D. simulans* demuestran que la forma del ala presenta VG, puesto que hay varianza entre líneas, existe PF, ya que hay diferencias entre temperaturas y ocurre interacción genotipo-ambiente, con VG para la PF, lo que podría contribuir a su mantenimiento y eventualmente a su evolución adaptativa.

GPE 12

ANÁLISIS DEL GEN *CITOCROMO OXIDASA III* EN POBLACIONES BOLIVIANAS DEL NEMATODO DEL QUISTE *Globodera rostochiensis* (Wollenweber) Skarbilovich, (NEMATODA: HETERODERIDAE)

Sosa M.C.¹, J.C. Rondan Dueñas², A.J. Andrade³, J.F. Ponce⁴, P. Lax¹. ¹Instituto de Diversidad y Ecología Animal (CONICET-UNC), Centro de Zoología Aplicada, Córdoba, Argentina; ²CEPROCOR, Córdoba, Argentina; ³Instituto de Biología de la Altura, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy, Argentina; ⁴CABI, Lima, Perú. E-mail: ceeci.sosa@gmail.com

El nematodo fitófago *Globodera rostochiensis* (Wollenweber) Skarbilovich, es considerado una de las plagas de mayor agresividad para el cultivo de papa (*Solanum tuberosum* L.), produciendo importantes daños económicos a nivel mundial. Los análisis filogeográficos permiten dilucidar la historia evolutiva de las especies y rutas de migración o colonización, así como expansiones demográficas recientes. En este trabajo se analizó la variabilidad del gen *citocromo oxidasa III* (*COIII*) en quistes provenientes de campos de papa de nueve localidades del departamento Cochabamba y una de La Paz (Bolivia). Se extrajo ADN de 20 quistes; la amplificación y secuenciación parcial de dicha región se realizó utilizando un set de *primers* diseñados para este estudio. El análisis comparativo de un fragmento de 411 pb reveló 15 haplotipos determinados por 37 sitios variables. La diversidad nucleotídica (π) observada fue de 0,021 mientras que la diversidad haplotípica (H_d) fue de 0,968. Para las distintas localidades analizadas se observaron haplotipos exclusivos; sólo uno fue compartido por dos localidades del departamento Cochabamba. Los individuos analizados muestran una alta variabilidad de haplotipos en la región *COIII*, sin embargo, difieren en un número reducido de nucleótidos. Si bien se analizaron pocos individuos, estos resultados podrían indicar un crecimiento poblacional rápido reciente de *G. rostochiensis* en la región de estudio.

GPE 13

ROL DE LA POLIPLOIDÍA Y APOMIXIS EN LA DIVERSIDAD MOLECULAR DE ESPECIES MULTIPLOIDES DE *Paspalum* L. (POACEAE)

Reutemann A.V.¹, A.I. Honfi², E.J. Martínez¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ²Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM). E-mail: vreutemann@gmail.com

Paspalum L. es un género de gramíneas sudamericano con citotipos diploides sexuales y poliploides apomícticos. El objetivo del trabajo fue dilucidar la influencia de la apomixis y la poliploidía sobre la diversidad molecular presente en poblaciones naturales de *Paspalum maculosum* Trin. y *P. cromyrorhizon* Trin. ex Döll. Para ello, se realizó un análisis molecular con AFLP en dos poblaciones diploides sexuales, tres poblaciones multiploides y tres poblaciones tetraploides apomícticas facultativas, de 20 individuos cada una, cultivadas experimentalmente. Se estimaron diferentes índices de diversidad genética y se realizaron AMOVA, análisis de *cluster* y ACoP. Además, se realizó un Test de Mantel para ver la correlación con la distribución geográfica. El porcentaje de *loci* polimórficos, número de genotipos diferentes y su representación equitativa dentro de las poblaciones, como los índices de diversidad de Nei y de Shannon, fueron más altos en las poblaciones diploides sexuales respecto a las multiploides y las tetraploides apomícticas facultativas. Las poblaciones de *P. cromyrorhizon* mostraron una alta estructuración ($Rho_{ST}=0,455$, $p=0,001$), en comparación con las poblaciones de *P. maculosum* ($Rho_{ST}=0,19$, $p=0,001$). Se distinguieron dos *clusters*, tanto en *P. cromyrorhizon* como *P. maculosum*, y una baja correlación con las distancias geográficas en ambas especies ($C=0,38$, $p<0,001$; $C=0,20$, $p<0,001$). La presencia y frecuencia del citotipo diploide sexual, y el grado de sexualidad residual de las poblaciones apomícticas facultativas, aumenta la diversidad genética en estas especies.

GPE 14

FERTILIDAD EN POBLACIONES UNIPLOIDES Y MULTIPLOIDES DE *Paspalum alnum* Chase

Schneider J.S.¹, E.J. Martínez², J.R. Daviña¹, D. Hojsgaard³, A.I. Honfi¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN-UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), FCA-UNNE, Corrientes, Argentina; ³Taxonomy & Evolutionary Biology, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany. E-mail: schneider.s.juan@gmail.com

Las poblaciones naturales de especies de *Paspalum* L. pueden ser uniploides o multiploides, donde coexisten dos o más niveles de ploidía. En *P. alnum* Chase se conocen diploides que se reproducen sexualmente y tetraploides que se reproducen por apomixis. Se determinó el nivel de ploidía y la fertilidad de 11 poblaciones de *P. alnum* de Corrientes, Misiones y Santa Fe, Argentina. La ploidía se midió mediante citometría de flujo y la fertilidad a través de la producción de semillas y la viabilidad del polen. La producción de semillas se midió en condiciones de polinización abierta y autopolinización y luego se calculó el Índice de Fertilidad (IF = N° de semillas por inflorescencia / N° de espiguillas por inflorescencia). La viabilidad del polen fue estimada mediante tinción con Lugol y recuentos de granos de polen coloreados. Una población resultó $2x$ pura, siete fueron $4x$ puras, y tres mixtas ($2x-4x$). En polinización abierta, el IF difirió significativamente entre poblaciones uniploides puras ($p<0,01$), siendo $0,22 \pm 0,06$ para la población $2x$ y $0,39 \pm 0,02$ para las poblaciones $4x$. En autopolinización, la población $2x$ no produjo semillas, mientras que las $4x$ tuvieron un IF promedio de $0,25 \pm 0,02$. El IF mostró valores intermedios en poblaciones mixtas. La viabilidad del polen fue de 98,15 y 92,55% para $2x$ y $4x$, respectivamente. *P. alnum* es una especie con dos niveles de ploidía ($2x$ y $4x$) que conviven o se mantienen aislados. La fertilidad varió entre ambos niveles de ploidía, lo cual podría deberse al modo diferencial de reproducción de cada citotipo ($2x$ sexuales y $4x$ apomícticos).

GPE 15

NUEVOS CENTROS DIPLOIDES DE *Paspalum notatum* Flügge

Escobar L.M.¹, A.V. Reutemann², M.C. Perichon¹, C.A. Sartor¹, C. Chaparro³, J.R. Daviña¹, J.F.M. Valls⁴, E.J. Martínez², A.I. Honfi¹.

¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN-UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ³FACEN, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay; ⁴EMBRAPA/CENARGEN, Brasília, Brasil. E-mail: lucasmescobar17@gmail.com

Paspalum notatum Flügge es una de las especies de mayor importancia forrajera del género, dada su amplia distribución natural en América y la extensa superficie cultivada. Presenta dos variedades, *P. notatum* var. *notatum*, tetraploide ($2n=4x=40$), apomíctica, pseudógama y autocompatible, y *P. notatum* var. *saurae* Parodi, diploide ($2n=2x=20$), sexual y auto-estéril. El citotipo $4x$ posee una amplia distribución continental; mientras el $2x$ posee su centro de origen en el sureste de Santa Fe (Argentina). El objetivo del trabajo fue determinar el número cromosómico y la distribución geográfica de nuevas accesiones de la especie para localizar nuevas áreas con diploides. Se realizaron recuentos cromosómicos, mediante tinción convencional de Feulgen, en ápices radiculares pretratados con solución saturada de 1-bromonaftaleno. Por otra parte, se determinó el nivel de ploidía de los individuos de las poblaciones, mediante estimación del contenido de ADN relativo por citometría de flujo. Un total de 65 accesiones resultaron tetraploides ($2n=4x=40$) y cinco accesiones fueron diploides ($2n=2x=20$), todas ellas de Argentina, Paraguay y Brasil. Las poblaciones diploides representan nuevos centros de diversificación de *P. notatum* var. *saurae* y resultan de gran interés para ampliar el germoplasma existente. La localización de estos neocentros, distantes del centro de origen de la especie, sugieren eventos de dispersión producto de la naturalización de cultivares diploides. Dichas áreas pueden ser categorizadas como *hot spots* para la conservación de germoplasma de *P. notatum*.

GPE 16

TRIPLE MUTACIÓN EN EPSPS (5-ENOLPIRUVILSHIKIMATO-3-FOSFATO SINTASA) DE LA "SUPERMALEZA" *Amaranthus hybridus* L. ORIGEN EVOLUTIVO

Perotti V.E., V.E. Palmieri, C.E. Alvarez, A.K. Martinatto, A.S. Larran, H.R. Permingeat. Agrobiotec-FCA, IICAR, Santa Fe, Argentina. E-mail: valeriaeperotti@gmail.com

Una población de *Amaranthus hybridus* de Canals (Córdoba) ha mostrado altísima resistencia a glifosato por presentar una nueva versión de la enzima EPSPS (blanco de acción del herbicida), con una triple mutación en la región conservada responsable de este fenotipo. Dicha mutación triple fue denominada TAP-IVS, por las sustituciones que la conforman (T102I, A103V y P106S). Con el objetivo de profundizar las bases moleculares de la resistencia, se realizó la determinación comparativa del número de copias del gen EPSPS mediante qPCR. La población de Canals presentó un leve incremento (promedio de 2,3 veces) comparada con la población susceptible (Huanchilla, Córdoba), que no se vio reflejado en los niveles del transcripto. Además, utilizando la técnica HRMA (*High Resolution Melting Analysis*), se evaluó el grado de contribución de este nuevo mecanismo *target* mediante la estimación de la frecuencia alélica en la población resistente, confirmándose la preponderancia de la triple mutación (~50% en homocigosis y ~50 % en heterocigosis), no encontrándose ni dobles ni simples mutaciones exclusivamente, y más curiosamente, no hallándose plantas susceptibles en dicha muestra de la población resistente. Esto podría deberse a una muestra no representativa de la población (se evaluaron 130 semillas). Paralelamente, se han reportado otras poblaciones de *A. hybridus* resistentes a glifosato por este mismo mecanismo, donde tampoco se hallaron plantas con mutaciones simples o dobles que puedan dar cuenta de un camino evolutivo de acumulación secuencial de mutaciones. Estos resultados podrían ser explicados por un alto costo adaptativo de los genotipos "intermedios".

GPE 17

ORIGEN DEL ARROZ MALEZA (*Oryza sativa* f. *spontanea* Roshev.) EN ARGENTINA: DE-DOMESTICACIÓN LOCAL COMO UNA DE LAS POSIBLES VÍAS DE EVOLUCIÓN

Presotto A., F. Hernández, R.B. Vercellino, D. Kruger, L. Fontana, M.S. Ureta, J. Barnett, M. Crepy, G. Auge, A. Caicedo. Departamento Agronomía, UN del Sur, CERZOS-CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: apresotto@uns.edu.ar

La presencia de arroz maleza (AM), *Oryza sativa* f. *spontanea*, es una problemática común en la mayoría de las regiones arroceras del mundo y su origen se relaciona principalmente con eventos de de-domesticación de cultivares de arroz. En Argentina, el AM es una de las principales limitantes del cultivo de arroz, aunque se desconoce el origen de estos biotipos. El objetivo de este trabajo fue estudiar la estructura genética e inferir el origen de los biotipos de AM argentinos. Mediante genotipificado por secuenciación se analizaron 64 individuos de arroz, 59 biotipos de AM (provenientes de Corrientes, Entre Ríos, Santa Fe, Chaco y Formosa) y cinco variedades cultivadas en Argentina (Fortuna INTA, IRGA409, IRGA424, Gurí INTA CL y Pucará). Las secuencias fueron comparadas con la base de datos disponible de arroz (accesiones de Estados Unidos, Colombia, España, y NE, SE y S de Asia) de la UMass Amherst. Al contrastar la estructura (*fastructure*) del AM y de los cultivares argentinos (20 K SNPs), gran parte de las malezas fueron similares a alguno de los cultivares o híbridas entre variedades. Cuando se compararon con las malezas, cultivares y silvestres de otras partes del mundo (100 K SNPs vs. 34 K SNPs, con y sin silvestres), el AM argentino presentó una estructura semejante a la de cultivares del grupo aus, indica e híbridos entre ambos grupos. Además, el ACP agrupó a la mayoría de los AM argentinos junto a los cultivares argentinos. Estos resultados preliminares indicarían que gran parte de los biotipos de AM argentinos evolucionaron a partir de variedades cultivadas en nuestro país.

GPE 18

¿CÓMO FUE LA EVOLUCIÓN DE LOS CARACTERES MORFOLÓGICOS EN *Scoparia* L. (GRATIOLAE-PLANTAGINACEAE)?

Landi M.A.¹, M.M. Sosa¹, J.E. Florentin¹, A.V. Scatigna², M.B. Angulo¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), FaCENA (UNNE), Corrientes, Argentina; ²Departamento de Ciências Biológicas, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, Brazil. E-mail: mauriciolandi99@gmail.com

Scoparia L. es un género monofilético que actualmente pertenece a tribu Gratioleae (Plantaginaceae). La reconstrucción de caracteres ancestrales ha sido utilizada como método de estudio en varios trabajos de filogenia molecular para poder entender el contexto evolutivo de algunos clados y dar un soporte morfológico. El objetivo de este estudio fue identificar caracteres morfológicos de utilidad sistemática que apoyen las relaciones filogenéticas dentro de este género. Para ello se llevó a cabo un mapeo de caracteres estocástico bayesiano a través del programa *Mesquite* v. 3.70. Se seleccionaron doce variables morfológicas discretas vegetativas y reproductivas, usadas tradicionalmente en las claves taxonómicas del género, en base a la revisión de material de herbario, análisis de ejemplares digitalizados y descripciones bibliográficas. Se estimó que el ancestro del género probablemente presentó: hábito sufrutice, perenne, con tallo erecto, glabro, hojas sésiles, enteras, glabras, flores actinomorfas, con 4 pétalos, sépalos glabros y estigma capitado. Si bien algunos caracteres fueron homoplásicos para *Scoparia*, se observaron algunas sinapomorfías como porte herbáceo, hojas sésiles, 4-sépalos glabros, corola actinomorfa y tetrámera, demostrando que apoyan las relaciones dentro del género.

GPE 19

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y ADAPTATIVA A NIVEL GLOBAL DE *Cardiospermum corindum* L.

Mayer J., F. Fortunato, M.C. Brem, J.P. Coulleri. Instituto de Botánica del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: joamayer092@gmail.com

Cardiospermum L. es un género con ocho especies, principalmente americanas. Sin embargo, tres son cosmopolitas y *C. corindum* L. es una de ellas. Nuestros objetivos fueron: 1) determinar qué modificaciones morfológicas acompañaron el proceso dispersivo y 2) cómo actuó la selección natural durante la colonización de nuevos ambientes. Para ello fueron analizados 315 ejemplares de 133 poblaciones, en los cuales se cuantificaron 16 caracteres morfológicos, y se determinaron 19 variables bioclimáticas. Para evaluar la relación entre las poblaciones se realizó un análisis de agrupamiento con distancias euclidianas y un ANOVA para establecer diferencias significativas entre ellas. Para determinar qué caracteres permitían estructurar las poblaciones realizamos un análisis de componentes principales y luego para determinar qué variables climáticas eran las que influían en ellos se realizó un análisis de coordenadas principales. Finalmente, para conocer qué tipo de selección actuó en cada una de las regiones estudiadas se construyeron histogramas de frecuencia para cada carácter considerando ventanas temporales de una década. Nuestros resultados permitieron diferenciar seis regiones entre las cuales existen diferencias entre los caracteres muestreados, principalmente en el área foliar y el tamaño del fruto. En relación al tipo de selección pudo observarse que durante las primeras décadas primó la selección direccional hacia la disminución el área foliar en regiones más secas, la cual en décadas recientes mostró una forma de selección normalizadora, de igual modo se pudo observar en el tamaño del fruto.

GPE 20

PRIMEROS ESTUDIOS GENÉTICO POBLACIONALES DE *Ruprechtia apetala* Weed. (POLYGONACEAE) EN BOSQUES SERRANOS DE CÓRDOBA

Belaus A¹, N.C. De Luca², M.E. Maggi², J.C. Rondan Dueñas¹.
¹Unidad de Biología Molecular, Centro de Excelencia de Productos y Procesos, CEPROCOR, Córdoba, Argentina;
²Unidad de Recursos Fitogenéticos, Centro de Excelencia de Productos y Procesos, CEPROCOR, Córdoba, Argentina.
 E-mail: abelaus@ceprocor.uncor.edu

Ruprechtia apetala es una especie de amplia distribución geográfica, se extiende desde Bolivia, Paraguay, Uruguay hasta el centro de Argentina y habita en regiones sub andinas en el norte y sierras pampeanas al sur. Forma parte de los bosques chaco-serranos en laderas y a la vera de los ríos llegando hasta una altitud de 2000 metros sobre el nivel del mar. Esta especie presenta una amplia variabilidad a lo largo de su distribución, tanto en tamaño (arbustos y árboles) como en la morfología de sus hojas y frutos. Para implementar prácticas de conservación y restauración ecológica es fundamental conocer la variabilidad genética de las especies. El objetivo de este trabajo fue la búsqueda de marcadores moleculares para estudiar la variabilidad genética de *R. apetala*. Para ello se secuenciaron dos regiones de cloroplasto (trnL-trnF, psbA-trnH) amplificadas con cebadores universales y se analizaron once cebadores de marcadores ISSR en tres poblaciones de *R. apetala* de los bosques serranos de Córdoba. Se identificaron dos haplotipos para la región psbA-trnH. Dos cebadores de ISSR analizados presentaron bandas polimórficas. Se planea incluir mayor número de muestras provenientes de distintas regiones de distribución geográfica y emplear otros marcadores, lo que ayudará a determinar la estructura genética y estimar el flujo génico entre poblaciones, permitiendo diseñar estrategias adecuadas de conservación y restauración.

GPE 21

ESTRUCTURA GENÉTICA EN ESPECIES FORESTALES DE BOSQUES SECOS ESTACIONALES NEOTROPICALES: VALOR DEL ESTADÍSTICO S_p Y DE LAS TASAS DE FECUNDACIÓN CRUZADA

Goncalves A.L.^{1,2}, M.V. García^{1,2}, M.E. Barrandeguy^{1,2}, S.C. González-Martínez³, M. Heuertz³. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Universidad Nacional de Misiones (CONICET - UNaM), Misiones, Argentina; ³BIOGECO, INRAE, Univ. Bordeaux, Cestas, France. E-mail: alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

La estructura genética espacial y los parámetros vinculados al sistema de fecundación de especies forestales pueden ser evaluados mediante la estimación del estadístico S_p y de las tasas de fecundación cruzada multilocus t_m . Con el objetivo de evaluar los factores subyacentes a los índices S_p y t_m y sus consecuencias en la configuración de los patrones de dispersión alélica de especies forestales de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales (BSEN), a partir de 59 trabajos publicados entre 2000 y 2020 se extrajeron datos sobre dispersión de propágulos, estadio sucesional, fenología, sistema de fecundación, densidad poblacional, paisaje, parentesco y distancias de dispersión alélica. Estos factores se analizaron mediante una prueba de Kruskal-Wallis. S_p presentó asociación estadísticamente significativa con el sistema de fecundación y con la densidad poblacional, detectándose valores de S_p (fecundación cruzada) > S_p (fecundación mixta) y mayores valores en poblaciones con elevada densidad. t_m presentó asociación estadísticamente significativa con el estadio sucesional, siendo t_m (sucesión tardía) > t_m (pioneras) y con el tipo de dispersión de propágulos, t_m fue mayor en poblaciones de especies anemófilas, así como en aquellas que presentan dispersión de semillas mediada por animales t_m (zoocoria) > t_m (anemocoria) > t_m (autocoria). Estos resultados respaldan el valor de considerar índices que posibiliten el análisis integrado de factores que explican los patrones de dispersión y estructura genética de especies forestales de los BSEN y complementan estudios similares en otros ecosistemas.

GPE 22

FILOGEOGRAFÍA ESTADÍSTICA APLICADA A POBLACIONES DE *Astronium urundeuva* (Allemão) Engl. (ANACARDIACEAE) DE LOS BOSQUES SECOS ESTACIONALES NEOTROPICALES SUDAMERICANOS

Barrandeguy M.E.^{1,2}, M.V. García^{1,2}, D.E. Prado³, S. Caetano-Wyler⁴, Y. Naciri⁵. ¹Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. ²Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas (UNaM - CONICET), Misiones, Argentina; ³UNR e IICAR-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Campo Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. ⁴GBIFCH Collaboratrice Scientifique, INFOFAUNA - CSCF, Neuchâtel, Suiza; ⁵Conservatoire et Jardin botaniques de la Ville de Genève, Chambésy, Ginebra, Suiza. E-mail: euge_barra@hotmail.com

Los Bosques Secos Estacionales Neotropicales (BSEN) en Sudamérica presentan una distribución fragmentada en cuatro núcleos mayores. La hipótesis del Arco Pleistocénico explica el patrón de distribución de un elevado número de especies arbóreas en varios fragmentos de los BSEN. En el primer estudio filogeográfico de amplio rango realizado en los BSEN se analizaron poblaciones de *Astronium urundeuva*, una especie arbórea confinada a estos bosques. A partir de los datos genotípicos obtenidos con nueve microsatélites específicos en 1.124 individuos de *A. urundeuva*, se reanalizaron los datos mediante *Approximate Bayesian Computation* (ABC) para determinar la hipótesis filogeográfica más probable que explique su evolución. Considerando los grupos genéticos Central (CE), Noreste (NE) y Suroeste (SW), identificados mediante un análisis Bayesiano de la estructura genética, se testaron cuatro escenarios considerando diferencias en el tiempo de divergencia, mientras que dentro de cada escenario se plantearon cuatro modelos de divergencia. Se identificó el modelo mejor respaldado dentro de cada escenario y luego entre los escenarios. Se estimaron los valores de los parámetros desde la distribución posterior del modelo más probable. El modelo más probable considera divergencia entre los grupos más distantes NE y SW en el último máximo glacial y divergencia posterior del grupo CE desde el NE en el Holoceno. Estos resultados confirman la hipótesis del Arco Pleistocénico como principal explicación para la distribución actual de los BSEN, basado en la filogeografía de *A. urundeuva*.

GPE 23

POSIBLES CAUSAS AMBIENTALES DE LA VARIACIÓN FENOTÍPICA EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY (*Anadentanthera colubrina* (Vell.) Brenan var. *cebil*) DE ARGENTINA

Bruera C.R.^{1,2}, H.R. Zerda³, M.J. Pastorino^{2,4}, M.V. García^{5,1,2}.

¹Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas (UNaM – CONICET), Misiones, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ³Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Santiago del Estero, Santiago del Estero, Argentina; ⁴Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (INTA – CONICET), Río Negro, Argentina; ⁵Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: camibruera@gmail.com

El curupay (*Anadentanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa que habita los núcleos Misiones (M) y Pedemontano Subandino (PS) de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales en Argentina. Se analizó la morfología de sus hojas, frutos y semillas para determinar la posible combinación de variables ambientales explicativas de la variación fenotípica. Se muestrearon ocho poblaciones naturales en PS y seis en M en las que fueron medidas 13 variables foliares y cinco reproductivas. Para cada población se obtuvieron desde bases públicas los valores de altitud, profundidad del suelo, índice de vegetación y 19 variables bioclimáticas. Se realizaron pruebas t para probar la diferencia entre las medias de cada núcleo, y un Análisis de Redundancia (AR) con las variables ambientales no-colineales. Se probaron diferencias significativas entre M y PS para nueve variables morfológicas y cinco ambientales. El AR ($F=2,38$; $p<0,05$; $N=999$ permutaciones) considerando el mejor modelo ajustado ($Raj=0,45$; $p=0,004$) explicó el 79% de la variación de los caracteres morfológicos. El primer eje (41%) separó las poblaciones de ambos núcleos y quedó explicado por la Temperatura media del trimestre más cálido. Esta variable se correlaciona con las longitudes de los folíolos medio, basal y terminal y la longitud y ancho de la lámina foliar, excepto para las poblaciones de San Ignacio (de M) y Calilegua (de PS) cuyos valores presentaron diferencias en relación al resto de las poblaciones de sus núcleos de procedencia. Estos resultados sugieren una base adaptativa en las diferencias morfológicas y motivan un análisis futuro más detallado incluyendo la variación intrapoblacional.

GPE 24

ANÁLISIS PRELIMINAR DEL IMPACTO DE LA FRAGMENTACIÓN DEL BOSQUE CHAQUEÑO SOBRE LA DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE *Aspidosperma quebracho-blanco* Schldl.

Almirón N.E.A.^{1,2}, G.M. Vía Do Pico¹, G.A. Robledo Dobladez^{1,2}, V.G. Solís Neffa^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias y Exactas y Naturales, Universidad Nacional del Nordeste (FaCENa-UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: emiliaalmiron@yahoo.com.ar

La fragmentación es una de las principales causas de pérdida de biodiversidad de los bosques del Gran Chaco. Evaluar su impacto en la sustentabilidad genética de las especies leñosas clave es fundamental para implementar prácticas eficientes de conservación. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar el impacto de la fragmentación del hábitat en la variabilidad y estructura genética de las cohortes pre (adultos) y post-fragmentación (progenie) de *Aspidosperma quebracho-blanco* Schldl. en bosques con bajo nivel de intervención (Reserva Natural Formosa) y en poblaciones fragmentadas del Chaco Semiárido. Los resultados mostraron que las diferencias entre los valores de variabilidad genética de las cohortes pre y post-fragmentación de las poblaciones analizadas no eran significativas. El AMOVA mostró un aumento del porcentaje de la variación dentro de las poblaciones de 82% a 94%; mientras que el índice R_{hst} disminuyó de 0,18 a 0,06 en las cohortes pre y post-fragmentación, respectivamente. Asimismo, el análisis de la asociación espacial con la variabilidad genética mostró que las poblaciones más vulnerables son las que se encuentran en zonas de categorías II y III según el Ordenamiento Territorial de Bosques Nativos y/o alejadas de áreas protegidas y corredores ecológicos. Estos resultados sumados al hecho que la variabilidad genética detectada no está relacionada con el tamaño de los fragmentos, pero sí con la distancia entre los mismos, y que el flujo génico entre fragmentos es moderado, sugiere que los fragmentos de bosque tendrían un papel relevante en la conservación de la diversidad genética de *A. quebracho-blanco*.

GPE 25

EXPANSIÓN POBLACIONAL DE *Prosopis alba* Griseb. (LEGUMINOSAE) EN SUDAMÉRICA: ESTUDIO FILOGEOGRÁFICO ECOLÓGICO Y MODELOS DE COALESCENCIA BASADO EN cpDNA

Bessega C.¹, C.L. Pometti¹, B.O. Saidman¹, R. Fortunato², C. Santoro³, J.C. Vilardi¹, V. McRostie⁴. ¹EGE - IEGEBA, CONICET - FCEyN, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Botánica Darwinion, CONICET/ANCEFYN, Buenos Aires, Argentina; ³Instituto de Alta Investigación, Universidad de Tarapacá, Chile; ⁴Escuela de Antropología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile. E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

La distribución actual de *Prosopis alba* (algarrobo blanco) en regiones áridas de Chile, Argentina y Bolivia muestra un patrón complejo que dificulta la interpretación de sus posibles vías de expansión. En este trabajo combinamos la información de secuencias de cpDNA (*ndhF-rpl32*) con datos geográficos y ambientales para tratar de interpretar las asociaciones entre las poblaciones dentro de un marco filogeográfico-ecológico. Analizamos una muestra de 29 individuos de *P. alba* provenientes de 12 poblaciones de los países mencionados. Evaluamos los niveles de diversidad molecular, historia demográfica poblacional y realizamos una reconstrucción filogeográfica-ecológica mediante aproximaciones bayesianas y mediante el uso de cadenas de Markov (MCMC). Los resultados permitieron identificar nueve haplotipos. Las pruebas de Tajima ($TD = -1,35$) y Fu ($F_s = -2,36$) resultaron no significativas sugiriendo ausencia de selección. Por su parte, la disparidad entre secuencias o *ruggedness* ($rg = 0,021$) también fue no significativa, compatible con expansión poblacional. El análisis coalescente MCMC indicó que el modelo lineal de crecimiento es el mejor soportado, con un tiempo al antecesor común (TMRA) igual a 0,072. Sobre esta base, es posible estimar 7.000 generaciones de crecimiento. El análisis BPEC (*Bayesian Phylogeographic and Ecological Clustering*) identificó dos *clusters* (grupos) cuya distribución solapa parcialmente en el Desierto de Atacama (Chile) y permite postular que la especie se habría expandido hacia el norte y el oeste a partir del área Chaqueña en Argentina.

GPE 26

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE *Plasmopara halstedii*, CAUSANTE DE MILDIOU DE GIRASOL EN ARGENTINA

Martínez A.L., A. Garayalde, F. Quiroz, I. Erreguerena, M. Petruccelli, A. Carrera. CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: almartinez@cerzos-conicet.gob.ar

Estudiar la composición genética de un patógeno contribuye a comprender los procesos de su dispersión y evolución con relación a quiebres de la resistencia del cultivo. El objetivo fue determinar la diversidad genética de aislamientos locales de *Plasmopara halstedii* colectados en cuatro provincias argentinas (años 1997 y 2013-2018). Se analizaron secuencias de ADN de 38 aislamientos (19 de Argentina y 19 de Francia-Estados Unidos-Alemania) de cinco loci ESTs, 42 aislamientos con ocho loci SSR y 24 aislamientos (10 de Argentina y 14 de Francia) con secuencias de dos proteínas efectoras. Para 24 individuos se contaba con información de raza. Se calcularon diversidad alélica y nucleotídica, heterocigosis, coeficientes F y se analizó la estructura poblacional (AMOVA y Structure). Se observó: i) muy reducida o nula presencia de heterocigotas y coeficientes de endogamia elevados concordante con reproducción homotática, ii) diferencias genéticas entre muestras de Argentina y del exterior, iii) efecto del año de colecta sobre la estructuración genética y efectos no significativos de factores región geográfica o raza, iv) incremento de la variabilidad genética hacia años recientes, v) variabilidad molecular intra-raza, vi) uniformidad en secuencias de efectores excepto un polimorfismo local. Lo observado sugiere más de un evento de introducción y/o procesos de mutación/recombinación en el país. El aumento de la variabilidad genética del patógeno en sucesivos ciclos de cultivo concuerda con el proceso observado de intensificación de la enfermedad y la ampliación del número de razas detectadas.