

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

POPULATION GENETICS AND EVOLUTION

GPE 1

VARIACIÓN FENOTÍPICA EN CARACTERES DE EMERGENCIA DE PLÁNTULAS DE *Anadenanthera colubrina* VAR. *CEBIL* (LEGUMINOSAE): ¿ADAPTACIÓN O SOLO AZAR?

Torres A.S.¹, A.L. Goncalves^{1,2}, M. Heuertz³, M.V. García^{1,2}.

¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones;

²Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas, UNaM – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnica (CONICET), Misiones, Argentina; ³IOGECO, INRAE, Universidad Bordeaux, Cestas, Francia. andre.torres9606@gmail.com

Los caracteres fenotípicos vinculados al establecimiento inicial de las plántulas pueden estar sujetos a la acción de la selección natural. *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan es una especie arbórea pionera con elevado potencial de germinación y establecimiento en áreas abiertas. Se evaluó la variación en caracteres de emergencia de plántulas y se testó su valor adaptativo en poblaciones del Sur de Misiones. Se colectaron muestras de frutos maduros de 17 árboles madre en tres sitios. Se sembraron 524 semillas identificadas de acuerdo al árbol madre. Se estimaron parámetros germinativos y se registraron los caracteres tiempo en días de aparición de ápice caulinar, primera y segunda hoja. Se evaluó la variación de los caracteres con medidas de tendencia central, de dispersión y comparando medianas entre familias y sitios. Se cuantificó la estructura genética mediante la estimación del índice F_{ST} considerando 25 loci SSRseq mediante un Análisis de Varianza Molecular. Se estimó el índice Q_{ST} a partir de las varianzas entre sitios y entre familias de medio-hermanos. Se testó el valor adaptativo de los caracteres comparando $Q_{ST}-F_{ST}$. Se detectaron elevadas frecuencias de germinación y heterogeneidad temporal en la germinación y en la emergencia de plántulas. Se detectó moderada estructura genética poblacional ($F_{ST}=0,15$) y ausencia de diferenciación a nivel del carácter diferencia en días de aparición de hojas ($Q_{ST}=0$). La comparación de estos índices no permite descartar la posible acción de la deriva genética como causa de la diferenciación fenotípica para el carácter analizado entre sitios.

GPE 2

DISPERSIÓN ALÉLICA VÍA POLEN Y FECUNDACIÓN CRUZADA: BASES DE LA CONECTIVIDAD GENÉTICA INTERFAMILIAR DE *Anadenanthera colubrina* (LEGUMINOSAE)

Goncalves A.L.^{1,2}, M.V. García^{1,2}, M. Heuertz³. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones; ²Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas, UNaM-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnica (CONICET), Misiones, Argentina; ³BIOGECO, INRAE, Universidad Bordeaux, Cestas, Francia. alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

En poblaciones de especies arbóreas las escalas espaciales de dispersión de polen y las tasas de fecundación cruzada regulan el movimiento efectivo de alelos en el paisaje. *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan es una especie recomendada para la recuperación de la cubierta boscosa en áreas degradadas. Se caracterizó el sistema de fecundación y la dispersión alélica vía polen en dos poblaciones naturales de esta especie en el sur de Misiones. Se genotipificaron individuos provenientes de 25 familias (25 árboles madre y 458 plántulas) y 47 posibles donantes de polen mediante 25 loci SSRseq. Se detectaron elevadas tasas de fecundación cruzada multilocus ($t_m=1,20$) y de fecundación cruzada promedio por locus ($t_s=0,87$). Tanto la correlación de paternidad multilocus como las tasas de endogamia biparental resultaron bajas detectándose un número efectivo de donantes de polen $N_{ep} \approx 4$ por árbol madre. Considerando las 25 familias, se infirió la contribución de 142 árboles donantes de polen, de los cuales 17 fueron identificados en la muestra con distancias lineales promedio de dispersión de polen $\bar{d}=142m$ y una $d_{m\acute{a}x}=686m$. A nivel de plántulas se identificaron 797 pares de hermanos completos y 4303 pares de medio-hermanos. Los árboles madre comparten nubes de polinización, originando progenie con baja endogamia mediante elevadas tasas de fecundación cruzada. El movimiento de polen a moderadas distancias y un sistema de fecundación caracterizado por la alogamia operarían como procesos cohesivos manteniendo la conectividad genética entre familias de *A. colubrina* en bosques remanentes del sur de Misiones.

GPE 3

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Parapiptadenia rigida* (LEGUMINOSAE): UNA ESPECIE DOMINANTE EN REMANENTES DE BOSQUE ATLÁNTICO EN MISIONES

Navarro M.¹, A.L. Goncalves^{1,2}, M.E. Barrandeguy^{1,2}, M.V. García

^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM); ²Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas, UNaM- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Misiones, Argentina. maqui.navarro14@gmail.com

La provincia de Misiones resguarda una de las mayores áreas continuas remanentes del Bosque Atlántico, áreas en las cuales *Parapiptadenia rigida* (Benth.) Brenan se encuentra ampliamente distribuida. Con el objetivo de determinar la cantidad y distribución de la variabilidad genética neutral en poblaciones naturales de esta especie en Misiones se tomaron muestras de cuatro sitios: San Ignacio, Eldorado, Cuña Pirú y Barra Machado. Se genotipificaron 37 individuos mediante cuatro *loci* SSR específicos, se caracterizó y cuantificó la diversidad genética nuclear por medio de la estimación de parámetros genéticos, se determinó el grado de estructuración genética poblacional mediante la estimación del índice F_{ST} y mediante inferencia Bayesiana. Se estimó el coeficiente de endogamia F_{IS} , se analizó la representatividad de la diversidad genética y se estimó el flujo génico. Se detectó elevada diversidad genética poblacional, dos *clusters* genéticos y estructuración genética elevada a nivel de sitios $F_{ST}=0,21$ y muy elevada a nivel de *clusters* $F_{ST}=0,34$. Los sitios Cuña Pirú y Eldorado presentaron endogamia ($F_{IS}=0,46$ y $0,19$) como consecuencia de posibles eventos de fecundación cruzada entre individuos emparentados espacialmente agrupados. Cuña Pirú fue el sitio más representativo de la diversidad genética y Barra Machado presentó la mayor diferenciación genética con respecto al complemento. Se evidenció flujo génico histórico mayor al flujo génico reciente, resultado que podría ser explicado como consecuencia de la fragmentación del paisaje del Bosque Atlántico en Misiones.

GPE 4

CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES DE *Brassica rapa* EN ARGENTINA MEDIANTE GENOTIPIFICACIÓN POR SECUENCIACIÓN (GBS)

Tillería S.^{1,2}, C. Pandolfo¹, A. Presotto^{1,2}, M.S. Ureta^{1,2}.

¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS); ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)-UNS. Buenos Aires, Argentina. tilleria.sofia@gmail.com

Brassica rapa L. (nabo) es una maleza ampliamente distribuida en Argentina. En los últimos años, se han identificado biotipos resistentes a herbicidas (e.g., glifosato e imidazolinonas), incrementando la superficie invadida por esta especie. A pesar de su importancia, el origen y la diversidad genética del nabo en el país son desconocidos. El objetivo fue determinar la estructura y diversidad genética de poblaciones argentinas de *B. rapa* utilizando la técnica de genotipificación por secuenciación (GBS). Se evaluaron 58 muestras de 15 poblaciones colectadas en diferentes regiones del país, identificándose 35.951 SNPs. Mediante los programas ADMIXTURE y Population, se determinó la estructura y diversidad genética. Estos análisis definieron cuatro grupos, sugiriendo que las poblaciones de *B. rapa* argentinas no tendrían un origen único. Poblaciones colectadas en la misma región en diferentes años, mostraron diferenciación en la composición genética, evidenciando cambios evolutivos a lo largo del tiempo. La mayor diferenciación genética se encontró entre dos poblaciones provenientes de ambientes contrastantes (Río Negro vs. Tucumán) ($F_{ST}=0,23$), lo que podría deberse a diferentes introducciones o a la adaptación local. El análisis de estructura genética mostró que las poblaciones argentinas tendrían una ascendencia común con el morfotipo “turnip” cultivado por su raíz engrosada. Los cambios en la estructura genética no se asociaron a la presencia de las resistencias. Este es el primer estudio que caracteriza la diversidad genética de las poblaciones argentinas de nabo.

GPE 5

CARACTERIZACIÓN DE CUATRO POBLACIONES DE *Piptochaetium napostaense* (SPEG.) HACK. (FLECHILLA NEGRA): FORRAJERA NATIVA DE CALIDAD APTA PARA RESTAURAR PASTIZALES DEGRADADOS

Cuppari S.¹, M. Careddu¹, E. González¹, Y. Torres^{1,2}, C. Milano³, M.C. Scarfo³, D.A. Rodríguez³, M.S. Ureta^{1,3}. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS); ²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CICPBA); ³Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)-UNS. Buenos Aires, Argentina. selva.cuppari@gmail.com

Los pastizales del Sudoeste Bonaerense (SOB) y La Pampa (LP) se encuentran degradados debido a factores vinculados, principalmente, a las actividades agropecuarias que, junto al pastoreo continuo y altas cargas, promovieron la reducción de especies nativas con alto valor forrajero, como *Piptochaetium napostaense*. Para niveles de degradación severos, el mejoramiento del pastizal, en la actualidad, requiere la siembra de semillas que ya no se encuentran en el suelo. Para ello, es necesario buscar materiales genéticamente diversos a fin de evaluar la variabilidad y posterior selección de acuerdo con su desempeño. El objetivo fue caracterizar cuatro poblaciones de *P. napostaense* colectadas en sitios del SOB y LP: Médanos (Me), Montes de Oca (MO), Patagones (P) y La Adela (LA). Se analizaron: peso de mil semillas (P1000), viabilidad (tinción de semillas no germinadas con TTC) y % de germinación (PG) de semillas sin tratar (control) y tratadas con calor (10 minutos a 90°C). Los resultados se analizaron con ANOVA y test de Tukey. El análisis mostró diferencias significativas ($p < 0,01$) tanto entre poblaciones como entre tratamientos dentro de cada población, en todas las variables. Los rangos de PG y viabilidad en el control fueron elevados; siendo 69,33-97 % y 76-100 %, respectivamente. El calor redujo el PG y la viabilidad en todas las poblaciones, excepto en LA que mostró valores similares. En el control, MO mostró el mayor P1000 y PG. Los resultados encontrados permiten avanzar en la caracterización fenotípica de estas poblaciones con fines de restauración basada en semillas.

