

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

POPULATION GENETICS AND EVOLUTION

GPE 1

POSIBLE RELACIÓN ENTRE LOS PATRONES DE VARIABILIDAD GENÉTICA Y EL USO CULTURAL DEL CEBIL (*Anadenanthera colubrina*) EN ARGENTINA

Fernández Erbes L¹, M.E. Barrandeguy^{1,2}, A.L. Goncalves^{1,2}, M.A. Maciel², M.V. García^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas, UNaM- CONICET, Misiones, Argentina. fernandezerbeshlorey@gmail.com

Las semillas de *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan (Fabaceae) se utilizan desde tiempos precolombinos por sus propiedades psicoactivas. Evidencias arqueológicas en el NOA muestran que su uso excede su dispersión natural, reflejando valor simbólico y existencia de redes de intercambio entre pueblos. Aquí, se analizan los patrones de variabilidad genética en poblaciones argentinas de *A. colubrina* y su relación con el intercambio entre comunidades del NOA. Empleando siete *loci* microsatélites nucleares se analizaron 211 individuos de 18 poblaciones naturales abarcando la distribución de la especie en Argentina. Entre las poblaciones analizadas, Oyola presenta evidencias arqueobotánicas del manejo del bosque de cebil. Se caracterizó y cuantificó la diversidad genética mediante parámetros convencionales. Se determinó la estructura genética poblacional mediante análisis bayesiano, se estimó el índice F_{ST} global y se realizó un análisis de representatividad de la variabilidad genética del NOA. El número medio de alelos fue 7,88 (0,28). Los valores medios de heterocigosis observada y esperada fueron 0,60 (0,02) y 0,76 (0,01), respectivamente. El análisis bayesiano identificó nueve *clusters* genéticos asignando a los individuos de Oyola a un único *cluster* y el F_{ST} global indicó moderada diferenciación genética (0,12; $p < 0,001$). La población Oyola mostró diferenciación respecto al complemento. Estos resultados podrían reflejar el uso cultural histórico de la especie, sugiriendo así que el movimiento de las poblaciones humanas influyó en el flujo génico del cebil en el NOA.

GPE 2

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA MODERADA EN GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A LA RESPUESTA HÍDRICA EN POBLACIONES ARGENTINAS DE *Anadenanthera colubrina*

Alba S.S.¹, M.E. Barrandeguy^{1,2}, M.A. Maciel², M.V. García^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas, UNaM - CONICET, Misiones, Argentina. sofiabca961@gmail.com

Los genes candidatos representan una herramienta eficaz para estudiar caracteres complejos como los asociados a la respuesta hídrica en plantas. En Argentina, *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan (Fabaceae) presenta distribución disyunta en las provincias fitogeográficas Paranaense y de las Yungas, que exhiben diferentes regímenes pluviales. Se analizó la variabilidad genética poblacional de genes candidatos asociados a la respuesta hídrica en ambientes contrastantes. Se identificaron variaciones nucleotídicas en fragmentos de los genes *ERD15* (363pb) y *PHDfinger* (693pb) y se analizó la diversidad genética poblacional en 31 individuos de ambas provincias. Se estimó diversidad nucleotídica y haplotípica, número promedio de diferencias nucleotídicas y número de haplotipos. Se evaluó estructuración genética mediante inferencia bayesiana y AMOVA. Se realizaron análisis de desequilibrio de ligamiento, *mismatch distribution* y pruebas de neutralidad. Se detectó diversidad y estructuración genética moderada, identificándose tres *clusters* en cada gen. Se observaron diferencias en el número de pares de SNPs en desequilibrio de ligamiento. Las curvas de *mismatch distribution* fueron unimodales y las pruebas de neutralidad no fueron estadísticamente significativas. Las diferencias en la cantidad y distribución de sitios en desequilibrio de ligamiento reflejarían efectos combinados de estructura poblacional, presión selectiva diferencial y recombinación desigual. Las secuencias exónicas analizadas presentan variabilidad genética en individuos provenientes de ambientes contrastantes.

GPE 3

IDENTIFICACIÓN DE ÁRBOLES SEMILLEROS DE *Anadenanthera colubrina* (LEGUMINOSAE) A PARTIR DE LA REPRESENTATIVIDAD GENÉTICA FAMILIAR

Goncalves A.L.^{1,2}, M. Heuertz³, M.V. García^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical, UNaM – CONICET, Misiones, Argentina; ³Biodiversité Gènes et Communautés (BIOGECO), INRAE, Université de Bordeaux, Francia. alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

El movimiento efectivo de alelos en el paisaje constituye un aspecto clave en la identificación de árboles semilleros. Se caracterizó la dispersión alélica en una población de *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan localizada en el cerro Santa Ana (Misiones). Se genotipificaron individuos provenientes de 19 familias (19 árboles madre, 443 plántulas) y 53 posibles donantes de polen mediante 25 loci SSRseq. Se caracterizó la diversidad genética poblacional, se estimó el coeficiente de parentesco entre árboles adultos y se determinó el grado de representatividad genética de cada familia. Se detectó estructura genética espacial a escala fina ($F_1=0,01$; $Sp=0,006$) y las nubes de polinización efectiva presentaron niveles de diferenciación genética en el rango $D_j=0,38-0,60$ y un promedio $\delta=0,49$, con lo cual el movimiento de polen a moderadas distancias mantendría la conectividad genética entre familias. Una familia (S28) fue la más representativa de la diversidad genética poblacional, presentando el mayor número efectivo de alelos y alta riqueza alélica como consecuencia de la contribución de donantes de polen que difieren genotípicamente entre sí. Por su parte, otra familia (S18) fue la más diferenciada, constituyendo además la familia que presenta menor riqueza alélica como posible consecuencia de apareamiento por proximidad entre individuos emparentados. Por ello, considerar el grado de parentesco y la representatividad genética al identificar posibles árboles semilleros es relevante para la colecta de frutos de *A. colubrina* en programas locales de restauración de bosques en el sur de Misiones.

GPE 4

DESARROLLO DE MARCADORES MICROSATÉLITES EN *Schinopsis marginata* Y *Schinopsis lorentzii* (ANACARDIACEAE) Y SU IMPORTANCIA PARA ESTUDIOS GENÉTICOS DE LA CONSERVACIÓN

Navarro M.¹, P.S. Velez¹, G. Gaj Merlera¹, A. Belaus¹, N.C. De Luca², V. Ibáñez Moro³, N.R. Abdala³, J.C. Rondan Dueñas¹. ¹Unidad de Biología Molecular, Centro de Excelencia en Productos y Procesos (CEPROCOR), Córdoba, Argentina; ²Unidad de Recursos Fitogenéticos, CEPROCOR, Córdoba, Argentina; ³Banco de Germoplasma de Especies Forestales, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Santiago del Estero, Santiago del Estero, Argentina. maqui.navarro14@gmail.com

El género *Schinopsis*, conocido como quebracho se encuentra en los bosques chaqueños argentinos formando un ecosistema único en esta región. Se consideran tres especies presentes en Argentina *Schinopsis balansae* Engl., distribuida principalmente en el chaco húmedo, *S. lorentzii* (Griseb.) Engl. de distribución más occidental abarcando desde Jujuy hasta el norte de Córdoba y *S. marginata* Engl. la cual se encuentra en la región del chaco serrano y la zona de transición de las yungas. Estudios recientes de caracteres morfológicos entre ejemplares de *S. lorentzii* y *S. marginata* no presentan una clara delimitación entre estas dos especies, considerándose las variaciones morfológicas observadas resultado de un gradiente altitudinal. Hasta el momento no existen estudios moleculares que permitan entender la biodiversidad y estructura genética de los quebrachos. En el presente trabajo, se desarrollaron por primera vez marcadores microsatélites STR (Short Tandem Repeats) a partir de una secuenciación genómica (NGS) de *S. marginata* en una plataforma de Illumina. Se diseñaron 24 cebadores microsatélites específicos y se optimizó la amplificación mediante PCR en 22 muestras individuales de distintos lugares de distribución de las dos especies: Santiago del Estero, Córdoba, Salta, La Rioja y Catamarca. Se revelaron los resultados de la amplificación mediante geles de poliacrilamida, utilizando tinción con nitrato de plata. Se pudo observar la presencia de polimorfismo en 12 cebadores. Estos marcadores serán fundamentales para el análisis de la diversidad genética, la estimación del flujo génico, filogenia y filogeografía de estas especies, permitiendo establecer estrategias para la conservación y restauración de los bosques de la región.

GPE 5

DIVERSIDAD Y DISTANCIA GENÉTICA DE PALMARES DE *Butia yatay* EN ENTRE RÍOS

Martínez Marignac V.^{1,2,3}, G. Oertlin², L. Roman^{3,4}, L. Silvestri^{2,5}, M. Di Pasquo^{2,3,5}. ¹Laboratorio Interdisciplinario de Biología y Genética Molecular, Centro de Investigación, Universidad de Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; ³Red Palmar, Argentina; ⁴Área de Extensión Rural, Estación Experimental Concordia, INTA, Entre Ríos, Argentina; ⁵Laboratorio de Palinología y Paleobotánica, Centro de Investigación Científica y de Transferencia Tecnológica a la Producción, Entre Ríos, Argentina. veromm99@gmail.com

Butia yatay (Mart.) Becc. (Arecaceae) es una palmera restringida al sur de Brasil, Uruguay y noreste de Argentina (Santa Fe, Chaco, Corrientes y Entre Ríos), coexistiendo con *Syagrus romanzoffiana*. La especie presenta importancia en nutrición y medicina, por lo que su prospección genética es importante de conocer. Este estudio caracterizó su diversidad genética, y estructura poblacional en poblaciones naturales de Entre Ríos. Se recolectaron 93 muestras foliares de cinco poblaciones de *B. yatay* y cinco de *S. romanzoffiana*. El ADN se extrajo con un kit comercial y se amplificaron tres microsatélites ISSR por PCR de punto final. Se emplearon los softwares PopGene 1.32, GenAIEx 6.5 y STRUCTURE v2.3.4 para evaluar diversidad y estructura genética; y los programas DARwin y MEGA12 para generar dendrogramas. Con los tres iniciadores de anclaje 3' se resolvieron 38 loci y 54 haplotipos. La diversidad total ($HT = 0,278$) e intrapoblacional ($HS = 0,212$) fueron los primeros para estas poblaciones. El poder informativo medio ($PIC = 0,50 \pm 0,05$), el índice de Nei ($D = 0,60 \pm 0,05$), el índice de Shannon ($I = 0,43$) y la equitatividad ($E = 0,26$) revelaron moderada estructuración y moderada variabilidad. El análisis de estructura genética permitió distinguir tres agrupamientos no asociados a distancia geográfica: Parque Nacional El Palmar, márgenes del Paraná, y La Aurora-Ubajay; y dos clústeres independientes: Ruta Nac. 18 y La Angélica-Concordia. Dos poblaciones resultaron con HT , h , I y porcentajes de loci polimórficos $>70\%$. Los resultados confirman la eficacia de los ISSR para estimar diversidad, deriva genética y relaciones genéticas en *B. yatay*. Sugieren definir al menos dos unidades de manejo genético: dos poblaciones genéticamente saludables para conservar como relictos naturales y para preservar remanentes con alta diversidad como fuente de germoplasma en proyectos de reforestación y restauración de palmares nativos.

GPE 6

ESTRUCTURA GENÉTICA DE *Espeletia pycnophylla* Cuatrec. EN LOS COMPLEJOS DE PÁRAMOS CHILES-CUMBAL Y LA COCHA-PATASCOY, NARIÑO, COLOMBIA

Martínez Palacios E.^{1,2,3}, L.E. Lagos Mora^{1,2}, A.E. Baca Gamboa^{1,3}. ¹Universidad de Nariño, Nariño, Colombia; ²Grupo de Investigación Genética y Evolución de Organismos Tropicales, Universidad de Nariño, Nariño, Colombia; ³Grupo de Investigación Biología de Páramos y Ecosistemas Andinos, Universidad de Nariño, Nariño, Colombia. eddy2757@udenar.edu.co

Los páramos son ecosistemas ubicados entre el bosque alto-andino y el piso periglaciario, que brindan valiosos bienes y servicios ecosistémicos. Su flora se caracteriza por una alta diversidad y endemismo, especialmente en las especies de frailejones del complejo *Espeletia*, que han experimentado una rápida diversificación y radiación adaptativa en los páramos tropicales. En el departamento de Nariño se encuentra *Espeletia pycnophylla*, especie considerada como el evento más reciente de especiación. Se cree que ha sido sometida a procesos de cuellos de botella y deriva génica, lo que ha llevado a una reducción en su variabilidad genética. Este estudio evaluó el estado genético de las poblaciones de *E. pycnophylla* en los páramos de La Cocha-Patascoy y Chiles-Cumbal, utilizando marcadores moleculares como genes de cloroplasto; *RbcL-a* y *MatK*, e ITS; *trnL/rpl32*, *ndhF/rpl32* y *trnQ/trnSr*. Se analizó una red de haplotipos y se calculó el índice de fijación (F_{st}) entre poblaciones, respaldado por una prueba de AMOVA y un test de Mantel. Los resultados indicaron un flujo genético restringido entre sitios de muestreo en Morasurco, Azufral y Santa Isabel, con un F_{st} superior a 0,25, la variabilidad genética intrapoblacional fue del 51,14%, entre sitios del 17,21%, entre páramos del 35,37% y entre complejos del 21,28%; estos datos mostraron estructura genética entre algunas poblaciones, mientras que en otras se evidenció flujo genético. Lo anterior indica que no existe una correlación entre distancias genéticas y distribución geográfica, respaldado por el test de Mantel ($r = 0,3085$ y $p = 0,00025$).

GPE 7

EVIDENCIAS GENÉTICO-POBLACIONALES Y REPRODUCTIVAS CONTRASTANTES EN ESPECIES HERMANAS DE *ARACHIS*

Moreno S.^{1,2*}, G. Perez^{1,2*}, A. García¹, G. Seijo^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE) – CONICET, Corrientes, Argentina (IBONE-CONICET); ²Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas Naturales y Agrimensura, UNNE, Corrientes, Argentina
*contribuyeron igualmente al trabajo. em.sara.moreno@exa.unne.edu.ar

Las especies silvestres de *Arachis* han sido tradicionalmente consideradas autógamas. Sin embargo, accesiones conservadas *ex situ* bajo condiciones controladas producen semillas de forma dispar, sugiriendo la existencia de sistemas reproductivos diferentes. Tales diferencias podrían incidir en los patrones de diversidad genética a nivel poblacional. En este estudio se analizó la diversidad genética intraespecífica de individuos de poblaciones de dos especies hermanas, *Arachis correntina* (Burkart) Krapov. & W.C. Greg y *A. villosa* Benth., nativas de la Mesopotamia argentina y Uruguay. Se utilizaron 1.635 SNPs polimórficos generados con la plataforma Axiom II 48K. Además, se evaluaron parámetros morfológicos y funcionales del sistema reproductivo a campo y en invernáculo. *Arachis correntina* presentó alta variabilidad genética, baja endogamia ($H_o=0,20$; $H_e=0,31$; $F_{is}=0,34$) y características florales asociadas a la alogamia (menor superficie estigmática, mayor relación polen/óvulo y presentación floral). En contraste, *A. villosa* mostró baja variabilidad, elevada endogamia ($H_o=0,07$; $H_e=0,24$; $F_{is}=0,70$) y un sistema reproductivo autógeno. En ensayos de autopolinización espontánea, *A. correntina* no produjo frutos, mientras que *A. villosa* lo hizo en el 72,6 %. Estos resultados constituyen la primera evidencia genética y morfo-funcional de alogamia en poblaciones naturales de *Arachis* y sugieren que los sistemas reproductivos moldean diferencialmente sus acervos genéticos. Los hallazgos son relevantes para la conservación y aprovechamiento de estos recursos genéticos en programas de premejoramiento del maní.

GPE 8

VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Raphanus sativus* L. MALEZA EN ARGENTINA

Schiebelbein M.¹, S. Tillería^{1,2}, J. Brunet³, F. Hernández⁴, A. Presotto^{1,2}, M.S. Ureta^{1,2}, R.B. Vercellino^{1,2}. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), CONICET, Bahía Blanca, Argentina; ³Vegetable Crops Research Unit, Agricultural Research Service, U.S. Department of Agriculture (ARS-USDA), Madison, Wisconsin, USA; ⁴Department of Botany and Biodiversity Research Centre, University of British Columbia, Vancouver, British Columbia, Canada.
rbvercellino@cerzos-conicet.gob.ar

Raphanus sativus (rábano) se cultiva como hortícola y cultivo de servicio. Sus poblaciones ferales (dedomesticadas), conocidas como ‘nabón’, son una maleza ampliamente distribuida en Argentina; sin embargo, se desconoce su diversidad fenotípica y estructura genética. El objetivo fue caracterizar la variabilidad fenotípica y estructura genética de poblaciones argentinas de nabón. Se evaluaron 96 muestras de cuatro cultivares y 14 poblaciones de nabón recolectadas en cinco provincias, mediante genotipificación por secuenciación (GBS), obteniéndose 14.606 SNPs. Además, las poblaciones se fenotipificaron en condiciones de campo con diseño en bloques al azar, registrando días a floración, altura, número de ramas, número de frutos, semillas por fruto, dureza del fruto y dormición. Los análisis de PCA y estructura genética mediante fastSTRUCTURE, revelaron dos grupos genéticos de cultivares bien diferenciados, mientras que las poblaciones de nabón formaron un único grupo, separadas de los cultivos, con baja diferenciación genética entre poblaciones ($F_{st} < 0,15$). A nivel fenotípico, los cultivares –uno de cada grupo genético– florecieron en fechas contrastantes, mientras que las malezas florecieron en fechas intermedias, con escasas diferencias entre poblaciones. Las malezas presentaron frutos más duros y mayor dormición que los cultivos. En general, las poblaciones argentinas de nabón se diferenciaron de los cultivares, pero no entre ellas, sugiriendo un origen común. Este es el primer estudio que caracteriza la diversidad fenotípica y estructura genética de *R. sativus* en Argentina.

GPE 9

DESCUBRIENDO EL ORIGEN DE POBLACIONES ARGENTINAS DE *Brassica rapa* A PARTIR DE DATOS GENÓMICOS

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

¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, UNS – CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. tilleria.sofia@gmail.com

En su forma silvestre, *Brassica rapa* L. es una maleza reconocida mundialmente. En Argentina, la aparición de biotipos resistentes a herbicidas favoreció su expansión. Para estudiar su origen en el país y el surgimiento de estos biotipos, se analizaron 624 individuos de esta especie mediante genotipificación por secuenciación (GBS), incluyendo 13 muestras resistentes (R) y 43 susceptibles (S) de Argentina, y el resto de diversas regiones del mundo, incluyendo formas silvestres y subespecies cultivadas (por hojas, semillas o raíz). A partir de 26.001 SNPs, se realizaron análisis filogenéticos y de estructura poblacional con ADMIXTURE. Las muestras argentinas formaron un grupo genéticamente diferenciado, sin distinción clara entre R y S, salvo una población S con mezcla genética, agrupada en un clado distinto. La diversidad nucleotídica de las muestras argentinas ($\pi=0,191$) fue menor que en algunas subespecies cultivadas ($\pi=0,22-0,27$), lo que respalda su origen feral. El árbol filogenético, el PCA y los valores de *Fst* indicaron mayor cercanía genética con formas ferales de Sudamérica (*Fst*=0,033), Norteamérica (*Fst*=0,048) y con el biotipo europeo “turnip” cultivado por su raíz (*Fst*=0,065). Esto sugiere un origen común europeo en América seguido de diferenciación local, con posibles adaptaciones o introducciones independientes. La similitud genética entre poblaciones S y R indica que éstas últimas podrían haber ingresado como contaminantes de semilla e hibridado con biotipos locales, integrándose al *pool* genético argentino.

GPE 10

ESTRUCTURA GENÉTICA DE *Phytophthora infestans* SENSU LATO MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES EN EL SUR DE COLOMBIA

Hernandez Diaz T.Y., E. Martínez Palacios¹, C.E. Salazar González², L.E. Lagos Mora¹. ¹Grupo de investigación de Genética y Evolución de Organismos Tropicales, Universidad de Nariño, Nariño, Colombia; ² Grupo de investigación de Sanidad Vegetal, Universidad de Nariño, Nariño, Colombia. tharling.bio@udenar.edu.co

Phytophthora infestans sensu lato (*P. infestans* y *P. betacei*) es un oomiceto fitopatógeno que causa el tizón tardío en solanáceas, con alto impacto global. Su rápida evolución demanda el monitoreo poblacional con marcadores polimórficos para la detección de nuevos genotipos con mayor eficacia biológica. Por consiguiente, el objetivo de este estudio fue evaluar la variabilidad genética de aislamientos de *P. infestans sensu lato* obtenidos de diferentes especies de solanáceas cultivadas en el sur de Colombia. Para esto, se aislaron 40 muestras del patógeno obtenidas de *S. tuberosum*, *S. lycopersicum*, *S. muricatum* y *S. betaceum*. Se extrajo su ADN y se amplificó con 12 marcadores microsateélites, que se visualizaron en geles de agarosa al 3%. La medición de las bandas de amplificación se realizó con ImageJ y el análisis de datos con el paquete Poppr del *software* R. Se obtuvo alto polimorfismo de los marcadores con la amplificación de más de cuatro alelos por locus, presencia de triploidía y elevada diversidad genética. Las poblaciones se estructuraron de acuerdo a su hospedero con una diferenciación genética (*Gst*) entre 0.24 y 0.65, probablemente por la preferencia de hospedero y el uso de hospederos alternativos. El desequilibrio de ligamiento sugiere reproducción asexual en poblaciones de *P. betacei* y posible reproducción sexual en poblaciones de *P. infestans* provenientes de papa, pepino dulce y tomate, generando una alerta para continuar con la investigación de estas poblaciones. Los marcadores fueron altamente informativos tanto en la diversidad como en la forma de reproducción del oomiceto.

GPE 11

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Pantala flavescens* (ODONATA) EN ARGENTINA: ANÁLISIS COMPARATIVO GLOBAL BASADO EN EL GEN *COI*

Del Palacio A.¹, F.D. Moreno², D. Hohl^{2,3}, J. Muzón¹, C. Catanesi^{2,4}.

¹Laboratorio de Biodiversidad y Genética Ambiental, Universidad Nacional de Avellaneda, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, Universidad Nacional de La Plata (UNLP) – CONICET – Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CICPBA), Buenos Aires, Argentina; ³CICPBA, Buenos Aires, Argentina; ⁴Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, Buenos Aires, Argentina. adelpalacio87@gmail.com

Pantala flavescens es una especie cosmopolita de odonatos (libélulas) reconocida por su excepcional capacidad migratoria transcontinental y transoceánica, con su límite austral en Argentina. Mediante el estudio de secuencias del gen de citocromo oxidasa I mitocondrial (*COI*) se ha sugerido que *P. flavescens* conforma una única población panmítica a escala global, con escaso aislamiento genético entre continentes. Sin embargo, esto se ha basado principalmente en el análisis de individuos procedentes de Canadá, Corea, EEUU, Guyana, India y Japón. Con el fin de evaluar la diversidad genética de *P. flavescens* en Argentina y su relación con otras poblaciones del mundo, se amplificó por PCR y se secuenció por técnica de Sanger un fragmento de 677pb del gen *COI* de tres individuos de la provincia de La Pampa. Las secuencias se alinearon en MEGA v.11 y se corrigieron manualmente. Con las secuencias del repositorio BOLD se construyeron dendrogramas, mediante los paquetes *panghorn*, y *ape* en R, con matrices de distancia generadas a través del programa Arlequin. Los resultados evidenciaron una diferenciación genética que no se corresponde con la distancia geográfica. Los agrupamientos mostraron afinidades regionales y posibles rutas de conectividad. Estos hallazgos respaldan la hipótesis de panmixia global, destacando la relevancia de incluir individuos de regiones submuestreadas, como Sudamérica, para dilucidar la conectividad y evolución de esta especie migratoria.

GPE 12

REORDENAMIENTOS CROMOSÓMICOS EN LOS REPTILES CON TASA DE ESPECIACIÓN MÁS RÁPIDA DEL MUNDO

Amaral A.S.¹, M. Morando^{2,3}, M. Olave^{1,4,5}. ¹Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) – Universidad Nacional de Cuyo (UNCuyo) – Gobierno de la Provincia de Mendoza, Mendoza, Argentina; ²Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, CONICET, Centro Nacional Patagónico (CENPAT), Chubut, Argentina; ³Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco, Chubut, Argentina; ⁴Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UNCuyo, Mendoza, Argentina; ⁵Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Hinxton, Reino Unido. amaralanasolange@gmail.com

La familia de lagartijas Liolaemidae —que incluye a los géneros *Liolaemus*, *Phymaturus* y *Ctenoblepharys*— exhibe la mayor tasa de especiación entre los Squamata. Los géneros hermanos, *Liolaemus* y *Phymaturus*, contrastan marcadamente en sus historias naturales: el primero habita diversos ambientes y exhibe modos reproductivos variados; el segundo es estrictamente vivíparo y restringido a afloramientos rocosos. Estas características contrastantes convierten a Liolaemidae en un modelo ideal para investigar diferentes procesos de diversificación rápida desde perspectivas ecológicas, genéticas y citogenéticas. En este estudio, nos enfocamos en la evolución cromosómica, dado que las reorganizaciones estructurales pueden facilitar el aislamiento reproductivo y acelerar la especiación. Realizamos una revisión bibliográfica sistemática en *Google Scholar*, incluyendo literatura gris hasta el año 2025. Nuestros resultados revelan que en *Phymaturus* predominan las reorganizaciones robertsonianas; pese a la variación en el número diploide, el número fundamental autosómico se mantiene estable, afectando principalmente la morfología de cromosomas telocéntricos. En *Liolaemus*, en cambio, la elevada variabilidad cariotípica se vincula a fisiones céntricas que incrementan el número de microcromosomas. Estos patrones refuerzan la hipótesis de que la evolución cromosómica ha tenido un rol clave en la diversificación del grupo. El estudio resalta la necesidad de contar con genomas de alta calidad que permitan analizar regiones estructuralmente dinámicas como los microcromosomas y los centrómeros.

GPE 13

REVELANDO LA DIVERSIDAD GENÉTICA, ESTRUCTURA POBLACIONAL E HISTORIA EVOLUTIVA DE *Physalaemus biligonigerus* (ANURA: LEPTODACTYLIDAE) CON MARCADORES MITOCONDRIALES Y GENÓMICOS

Schneider R.G.^{1,2}, M.M. Malleret³, F. Brusquetti⁴, C. Borteiro⁵, F. Kolenc⁶, N. Basso⁶, D. Barrasso⁶, C.F.B. Haddad⁷, A. Camargo², D. Baldo³. ¹Universidad Nacional de Misiones (UNAM), Misiones, Argentina; ²CENUR Noreste, sede Rivera, Universidad de la República. Rivera, Uruguay; ³Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNAM, Misiones, Argentina; ⁴Instituto de Investigación Biológica del Paraguay, Asunción, Paraguay; ⁵Sección Herpetología, Museo Nacional de Historia Natural, Montevideo, Uruguay; ⁶Instituto de Diversidad y Evolución Austral, CONICET, Chubut, Argentina; ⁷Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, São Paulo, Brasil. rosioschneider@gmail.com

Physalaemus biligonigerus es una especie de anuro ampliamente distribuida en el sur de la región Neotropical, ocupando diversos biomas como Chaco, Pampas, Yungas, Espinal y Selva Atlántica. Esta rana presenta una notable variabilidad morfológica, especialmente en tamaño y patrones de coloración dorsal, que sugieren una compleja historia evolutiva. Con el objetivo de comprender su estructura genética e historia poblacional, se combinaron datos mitocondriales (genes *COI* y *16S*) y datos genómicos (~4700 SNPs obtenidos mediante ddRADseq) de 240 ejemplares de todo su rango geográfico, realizando análisis clásicos de filogeografía. Ambos sets de datos revelaron alta diversidad genética y estructuración geográfica, aunque con discrepancias entre los tipos de marcadores. Los análisis mitocondriales identificaron seis linajes con elevada diversidad haplotípica y sin señales claras de expansión demográfica, lo que sugiere estabilidad poblacional. En cambio, los datos genómicos delimitaron tres grupos con distribución definida: una población en Uruguay, sur de Brasil y noreste argentino; otra en el centro de Argentina y gran parte de Paraguay; y una tercera en el norte de Paraguay y Mato Grosso (Brasil). Se observó mezcla genética en zonas de contacto, indicando posible flujo génico pasado y/o presente. Los quiebres genéticos coinciden con grandes ríos como el Paraná y el Apa, que podrían haber actuado como barreras geográficas. Estos hallazgos subrayan el valor de enfoques multilocus para explorar procesos evolutivos en especies ampliamente distribuidas.

GPE 14

LINAJES MITOCONDRIALES DE *Salminus brasiliensis* (PISCES, BRICONIDAE): IMPLICANCIAS PARA SU CONSERVACIÓN EN EL ARROYO YABOTÍ, MISIONES

Morales Flores A.M.^{1,2,3}, P.R. Araya*, C.F. Argüelles².

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones (UNAM), Misiones, Argentina; ²Grupo de Genética Aplicada, Departamento de Genética, FCEQyN, UNAM, Misiones, Argentina; ³Instituto de Biología Molecular de Rosario, Facultad de Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de Rosario *Actualmente jubilada. moralesflores@ibr-conicet.gov.ar

Salminus brasiliensis, conocido como “dorado”, con amplia distribución geográfica en Argentina, Brasil, Uruguay, Paraguay y Bolivia, está categorizado, en Argentina, como Especie Vertebrada de Valor Especial (EVVE). Los estudios genéticos en esta especie se han centrado principalmente en aspectos taxonómicos y reproductivos. Sin embargo, la incertidumbre taxonómica que la rodea dificulta el diseño de estrategias y actividades efectivas de conservación en ambientes naturales y protegidos. Este trabajo tuvo como objetivo identificar unidades taxonómicas operativas moleculares (UTOMs) de *S. brasiliensis* en las cuencas Alta, Media y Baja del arroyo Yabotí, afluente de la red hidrográfica de la Reserva de Biosfera Yabotí (Misiones). Se amplificó y secuenció una región de 580 pb del gen mitocondrial *COI* a partir del ADN obtenido de escamas de 51 individuos. El análisis comparativo con la base de datos BOLD permitió identificar siete haplotipos (H1-H7; $h=0,0629$), distribuidos de forma desigual. El H1 fue el haplotipo más frecuente ($n=0,571$) con amplia distribución a lo largo de las tres cuencas mientras que el H6 fue exclusivo de la cuenca Baja. El árbol filogenético obtenido, junto con la elevada distancia genética intraespecífica estimada (6,58%), sugiere la presencia de dos linajes mitocondriales dentro de la especie. Estos resultados demuestran la existencia de al menos dos UTOMs para *S. brasiliensis* en el arroyo Yabotí, un hallazgo clave para el diseño de estrategias de conservación más precisas y efectivas para la especie, teniendo en cuenta la diversidad genética local.

GPE 15

**DISTRIBUCIÓN DE VARIANTES
POLIMÓRFICAS DEL GEN STAT6 Y
SUSCEPTIBILIDAD A LA INFECCIÓN POR
Toxocara canis EN POBLACIÓN DEL
CHACO**

Gonzalez A.^{1,2}, M. Perez^{1,2}, F.A. Caliva^{1,2}, M.V. Bojanich^{1,2}, M.d.I.A. López^{1,2}. ¹Instituto de Medicina Regional, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Chaco, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE, Corrientes, Argentina. abgonzalez101200@gmail.com

El gen *STAT6* participa en la respuesta inmunológica Th2, promoviendo la producción de IL-4, IL-5, IL-13 y elevando los niveles de IgE. Está asociado a enfermedades alérgicas como asma y dermatitis atópica, entre otras. El SNP rs3024974 (C/T) se ha vinculado a la susceptibilidad a infecciones parasitarias y su frecuencia varía entre poblaciones. El objetivo de este trabajo fue determinar la frecuencia y distribución de las variantes polimórficas del gen *STAT6* en la población del Chaco y establecer su relación con la susceptibilidad a la infección humana por *Toxocara canis*. Se analizaron muestras de sangre de individuos de distintas localidades del Chaco. Se incluyeron 54 pacientes seropositivos con síntomas compatibles con toxocariosis, 113 seronegativos y 142 controles sanos. Se extrajo ADN y se identificaron los genotipos CC, CT y TT mediante PCR-RFLP y se realizaron análisis de Chi cuadrado para bondad de ajuste entre el número de genotipos observados y el esperado bajo equilibrio de Hardy-Weinberg. Las frecuencias genotípicas halladas fueron: CC 87,%, CT 13,%, TT 0% en seropositivos; CC 79,6%, CT 18,6%, TT 1,8% en seronegativos; CC 81,7%, CT 19,9%, TT 1,4% en controles, encontrándose en equilibrio de Hardy-Weinberg. El genotipo CC fue el más frecuente en todos los grupos, mientras que el TT no se detectó en seropositivos. El alelo T se halló con mayor frecuencia en seronegativos y controles. Aunque no se observó una diferencia estadísticamente significativa, el alelo T podría tener un efecto protector frente a la infección por *T. canis*. Es necesario ampliar el estudio para confirmar esta asociación.