

RECYT

Año 16 / N° 22 / 2014 / 22–27

Endocría y coancestría en poblaciones naturales de *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*

Inbreeding and coancestry in natural populations of *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*

Tamara M. Mazo¹, María E. Barrandeguy^{1,2,3}, María V. García^{1,2,3,*}

1 - Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones.

2 - Instituto de Biología Subtropical, Universidad Nacional de Misiones - CONICET.

3 - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - CONICET

* E-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

Resumen

La endocría y la coancestría aumentan la homocigosis generando genotipos autocigotas sin afectar a las frecuencias alélicas. Puede considerarse que una muestra de *loci* selectivamente neutros permite hacer inferencias acerca del coeficiente de endocría de una población porque sus efectos son expresados en todos los *loci* de cada individuo. Esto permite estudiar la posible presencia de depresión por endocría y su efecto sobre los valores fenotípicos de los caracteres poligénicos inferida desde *loci* neutrales a través de la media de un carácter cuantitativo en k subpoblaciones y las estimas del índice de fijación F_{ITk} . Se analizaron individuos adultos de *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*. Se pudo concluir que los caracteres poligénicos analizados no presentaron reducción de sus valores fenotípicos medios indicando ausencia de depresión por endocría, las poblaciones presentaron niveles bajos de coancestría y tamaños efectivos elevados en tanto que no se detectó aumento de homocigosis en los caracteres poligénicos analizados.

Palabras clave: Endocría; Coancestría; Tamaño efectivo; Poblaciones naturales; *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*.

Abstract

Inbreeding and coancestry increase homozygosity and create autozygous genotypes but they do not modify allelic frequencies. Inbreeding coefficient could be estimated by neutral *loci* because its effects are expressed by all *loci* in each individual. Putative presence of inbreeding and its effect on phenotypic values of polygenic traits could be studied from neutral *loci* and the mean of quantitative trait in k subpopulations together to fixation index F_{ITk} . Adult individuals of *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* were analyzed. The conclusions of this study are that polygenic traits did not show mean reduction in phenotypic values which indicate that there was no inbreeding depression, populations showed low levels of coancestry and high effective sizes.

Keywords: Inbreeding; Coancestry; Effective size; Natural populations; *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*.

Introducción

La endocría y la coancestría, junto con la depresión por endocría, son temas centrales de discusión al momento de tomar decisiones tendientes a la conservación de las poblaciones naturales tanto de plantas como de animales, especialmente cuando el tamaño de las poblaciones se ve reducido debido a la fragmentación del hábitat [1]. A medida que las poblaciones reducen su tamaño efectivo y quedan aisladas tienden a perder diversidad genética debido a la acción de la deriva genética y de la endocría [2]. Esta última es resultado del apareamiento entre individuos emparentados, incluso si el apareamiento es al azar dentro de subpoblaciones [3], llevando a un aumento

de la homocigosis mediante la aparición de genotipos autocigotas pero sin afectar a las frecuencias alélicas. La depresión por endocría surge como un fenómeno dentro de las poblaciones cuando al incrementarse el nivel de homocigosis, disminuye el valor fenotípico medio [4].

Es ampliamente aceptado que la depresión por endocría es una consecuencia inevitable del componente de dominancia de la varianza genotípica. Cuando la acción genética es puramente aditiva, el valor fenotípico promedio asociado con los alelos es independiente del complemento alélico. Así, la depresión por endocría no ocurre en caracteres que presenten una base genética puramente aditiva. Sin embargo, en caracteres que presenten una base genética con dominancia el valor fenotípico medio varía con el

cambio en las frecuencias genotípicas debido a que la expresión alélica es una función del complemento alélico [4].

Aunque la depresión por endocría ha sido un tema central de las investigaciones biológicas por más de un siglo, poco se sabe de las bases moleculares subyacentes a este proceso. Dado que muchos caracteres de importancia ecológica son poligénicos puede esperarse que una gran proporción del genoma esté involucrada en la depresión por endocría [2]. Diversos autores argumentan que la depresión por endocría puede resultar de la suma del efecto pequeño de un gran número de genes mientras que otros sostienen que unos pocos genes de efecto mayor conducen a una severa depresión por endocría [3].

En plantas, el coeficiente de endocría es estimado, generalmente, utilizando poblaciones o progenies experimentales con niveles de endocría conocidos. En la mayoría de los casos se asume que las poblaciones con apareamiento completamente al azar presentan un coeficiente de endocría de cero ($F = 0$) y son comparadas con progenies obtenidas por autofecundación ($F = 0,5$) desde la población de referencia [1]. Otra posibilidad es el análisis de múltiples generaciones usando el coeficiente de regresión de la media fenotípica del carácter sobre el coeficiente de endocría de cada generación [4]. Chaves *et al.* [1], basándose en la hipótesis que una muestra de *loci* neutrales permite hacer inferencias acerca del coeficiente de endocría de una población, y teniendo en cuenta que los efectos de la endocría son expresados en todos los *loci* de cada planta, analizaron 112 progenies maternas de 10 subpoblaciones naturales de *Eugenia dysenterica* DC en condiciones controladas. En el presente trabajo se ensayó la utilidad de este método para estudiar la posible presencia de depresión por endocría y su consecuente efecto sobre los valores fenotípicos de los caracteres poligénicos en individuos adultos de poblaciones naturales de *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan var. *cebil* (Griseb) Altschul [5]. Las poblaciones naturales de *A. colubrina* var. *cebil* pueden ser consideradas como modelo biológico para el estudio de los efectos del aumento de la homocigosis en las poblaciones naturales debido a los cambios en la distribución de esta especie resultantes de la fragmentación de una distribución histórica más extensa que condujeron a la reducción del tamaño poblacional y al incremento del aislamiento espacial de las poblaciones remanentes [6]. Además, esta especie es alógama y la floración ocurre al final de la época seca e inicio de la húmeda; la polinización es entomófila y la diseminación de semillas es por autocoria-anemocoria.

A. colubrina var. *cebil* presenta una distribución disyunta a lo largo de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales (*Seasonally Dry Tropical Forests* - SDTFs) [7]. Pueden identificarse tres núcleos en la distribución de esta especie, dos de los cuales se localizan en Argentina: el núcleo Misiones que incluye a la provincia biogeográfica Paranaense y el núcleo Pedemonte Subandino, que incluye a las Yungas y en el cual *A. colubrina* var. *cebil* es una

especie frecuente [7]. Estas provincias fitogeográficas aún mantienen altos niveles de biodiversidad aunque diferentes condiciones de temperatura, altitud, suelos y precipitaciones han llevado a un patrón no uniforme en la distribución de la misma [8]. Además, las actividades humanas han provocado un gran impacto en estas áreas debido a una reciente deforestación como consecuencia del avance de la frontera agropecuaria [8].

Los antecedentes descriptos anteriormente permiten postular como hipótesis de trabajo que los individuos de las poblaciones remanentes de *A. colubrina* var. *cebil* presentan aumento de homocigosis en los caracteres poligénicos analizados como consecuencia de endocría, siendo los objetivos planteados para testar esta hipótesis: I. Determinar el aumento de la homocigosis por endocría en los caracteres poligénicos mediante el empleo de *loci* neutrales de herencia biparental; II. Cuantificar posibles efectos de depresión por endocría en los valores fenotípicos de los caracteres poligénicos analizados y III. Estimar el coeficiente de coancestría y el tamaño efectivo poblacional.

Materiales y Métodos

Se colectaron hojas y frutos desde ramas ubicadas en la mitad de la copa de cada individuo durante la época de fructificación. Se analizaron 69 individuos adultos de *A. colubrina* var. *cebil* localizados en dos provincias fitogeográficas: Paranaense y Yungas. En la provincia fitogeográfica Paranaense el área de estudio se delimitó en el S de la provincia de Misiones, localizándose en el departamento de Candelaria y comprendió a las localidades de Santa Ana (27° 25' 55,92" S 55° 34' 16,68" W, altitud 153 msnm) y Candelaria (27° 26' 58,2" S 55° 44' 20,22" W, altitud 104 msnm). Por su parte, en la provincia fitogeográfica de las Yungas el área de estudio se delimitó en las provincias de Tucumán y de Jujuy comprendiendo a dos localidades una localizada en el área del cerro San Javier (26° 47' 26,10" S 65° 18' 58,14" W, altitud 610 msnm) y la otra en el Parque Nacional Calilegua (23° 45' 15,012" S 64° 51' 12,996" W, altitud 950 msnm), respectivamente.

Se analizaron de 8 a 20 individuos adultos en cada localidad agrupándolos en subpoblaciones. Se consideró una separación mínima entre individuos de 3 m. de radio. Los individuos fueron geo-referenciados mediante el sistema de posicionamiento global (GPS).

Sobre tres a cinco hojas herborizadas, se midieron los caracteres vegetativos (veg): Largo y Ancho de lámina (LL y AL, respectivamente) y la relación Largo de Lámina/Ancho de Lámina (LL/AL). Además, se midieron los caracteres reproductivos (rep): Longitud y Ancho de Vaina (LV y AV, respectivamente) sobre cinco a ocho frutos y Número de semilla por fruto (NSF) y Longitud y Latitud de semillas (LS y LtS, respectivamente) en todas las semillas de los frutos analizados. Dichas mediciones se registraron

en centímetros (cm).

Además, se consideraron 8 *loci* microsatélites nucleares específicos para *A. colubrina* var. *cebil*: *Ac34.3*, *Ac48.1*, *Ac11.2*, *Ac28.3*, *Ac157.3*, *Ac41.1*, *Ac172.1* y *Ac162.1* [9].

Para el alcance de los objetivos se aplicó el método propuesto por Chaves *et al.* [1]. Así, los efectos de la endocría en los caracteres poligénicos, bajo el supuesto de que la endocría afecta a todos los *loci* por igual, se infirió desde *loci* neutrales a través de la media de un carácter cuantitativo, medida en un conjunto de k subpoblaciones (M_{0k}), y las estimas del índice de fijación F_{ITk} mediante la ecuación

$$M_{0k} = M_p - IDF_{ITk} + \Delta_k, \quad (1)$$

la cual es usada como un modelo de regresión lineal para estimar la depresión por endocría (ID) de cada carácter y la media esperada del carácter poligénico (M_p) en la población panmíctica de referencia:

$$M_{0k} = M_p + \beta F_{ITk} + \varepsilon_k \quad (2)$$

Este modelo asume que los efectos epistáticos son insignificantes, llevando a una respuesta lineal del carácter poligénico a la endocría y las estimas F_{ITk} realizadas sobre marcadores neutrales codominantes representan el promedio del coeficiente de endocría en las k subpoblaciones. Desde (1), M_p puede ser estimado por el intercepto de la línea de regresión mientras que la depresión por endocría (ID) es definida por el coeficiente de regresión o pendiente (β). Las desviaciones desde la regresión (ε_k), junto con Δ_k , incluyen las diferencias entre las subpoblaciones debidas a la selección natural, errores asociados con las estimas de M_{0k} y de F_{ITk} y otras variaciones no explicadas por la regresión lineal. Finalmente, la depresión por endocría se cuantificó a partir del porcentaje de la media esperada de la población de referencia como

$$ID\% = (ID / M_p) \times 100 \quad (3)$$

A partir de las variables cuantitativas se estimaron los valores parciales necesarios para la aplicación de este método realizando un análisis de varianza (ANOVA) de una vía para estimar la variación intrapoblacional de cada carácter analizado para, de esta manera, obtener la Suma de Cuadrados (SC) dentro de cada subpoblación. Además, se estimó el índice de fijación total (F_{IT}) de cada subpoblación en relación al conjunto de individuos, mediante la siguiente ecuación

$$F_{ITk} = 1 - (H_{0k} / H_E) \quad (4)$$

donde H_{0k} es la heterocigosis observada promedio de la subpoblación y H_E es la heterocigosis esperada global [1]. Ambas heterocigosis fueron estimadas usando el programa

GenAlEx versión 6.5 (disponible en <http://biology.anu.edu.au/GenAlEx/Welcome.html>) en tanto que el índice se calculó de manera manual.

En el análisis de regresión realizado para cada carácter el índice F_{ITk} y la SC de cada carácter dentro de cada subpoblación definieron la variable independiente x y la variable dependiente y , respectivamente. Este análisis se realizó aplicando el programa GenAlEx versión 6.5.

Se testó la significancia estadística de la pendiente β mediante la implementación de una prueba de Hipótesis T [10] cuya hipótesis nula fue:

$$H_0: \beta = \beta_1^{(0)} \quad (5)$$

donde $\beta_1^{(0)}$ toma el valor de cero el cual representa una pendiente nula. El test estadístico T empleado se define mediante la siguiente ecuación:

$$T = \frac{\beta - \beta_1^{(0)}}{S_\beta} \quad (6)$$

donde

$$S_\beta = \frac{S_{Y/X}}{S_X \sqrt{n-1}} \quad (7)$$

Este test estadístico presenta una distribución t con $n-2$ grados de libertad cuando se cumple H_0 . $S_{Y/X}$ es el desvío estándar de la muestra calculado como la raíz cuadrada de la varianza $S^2_{Y/X}$ la cual se estimó a partir de la siguiente ecuación:

$$S^2_{Y/X} = \frac{1}{n-2} \sum_{i=1}^n (Y_i - \hat{y}_i)^2 \quad (8)$$

donde Y_i es la SC dentro de cada subpoblación y el valor estimado de $\hat{y}_i = \beta_0 + \beta X_i$, donde β_0 es el intercepto (M_p) u ordenada al origen de la regresión y X_i es el valor de F_{ITk} . En tanto que S_x representa el desvío estándar de los valores de X el cual fue calculado mediante la siguiente ecuación:

$$S_x = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2} \quad (9)$$

donde \bar{X} es el promedio de los valores de F_{ITk} obtenidos para cada subpoblación.

Mediante la presente prueba de hipótesis puede ser rechazada para un nivel de confianza del 95% cuando $|T| \geq t_{n-2, 1-\alpha/2}$, donde $t_{n-2, 1-\alpha/2}$ denota el punto de la distribución t para el 95% de confianza con $n-2$ grados de libertad.

El coeficiente de coancestría de las poblaciones (Θ) corresponde a la correlación entre los estados alélicos de dos individuos tomados al azar de la misma población y fue estimado mediante el promedio del coeficiente de coancestría calculado entre todos los pares de individuos empleando la siguiente ecuación:

$$\Theta = \frac{0.5n(1+F_{IS}) + \sum_{i=1}^n \sum_{j \neq i}^n \theta_{xy}}{n^2} \quad (10)$$

donde n es el número de individuos muestreados en cada población, F_{IS} es el coeficiente de endocría de cada población y θ_{XY} es el coeficiente de coancestría entre los individuos x y y [11]. El coeficiente de endocría F_{IS} se estimó aplicando un Análisis de la Varianza Molecular (AMOVA) de cuatro niveles jerárquicos (Entre regiones, entre poblaciones dentro de regiones, entre individuos dentro de poblaciones y dentro de individuos). Para datos codominantes, el estimador de F_{ij} enunciado por Loiselle *et al.* [12] es el más apropiado para el cálculo de θ_{XY} [13]. El estimador F_{ij} se basa en la probabilidad de que un alelo i tomado al azar sea idéntico al alelo j también tomado al azar y queda definido como $F_{ij} = (Q_{ij} - Q)/(1 - Q)$ [13]. Para la estimación de este coeficiente se empleó el programa SPAGEDI 1.4 (disponible en <http://ebe.ulb.ac.be/ebe/SPAGeDi.html>).

El tamaño efectivo (N_e) de las poblaciones puede ser definido como el número de genotipos no endocriados y no relacionados los cuales producen descendientes con el mismo coeficiente de endocría medio que los genotipos de la progenie de la población panmíctica [14]. Se estimó N_e a partir de la ecuación descripta en el trabajo de Sebbenn *et al.* [15]

$$N_e = 0,5/\Theta \tag{11}$$

Resultados y Discusión

Para determinar posibles efectos de la endocría en los valores medios de los caracteres poligénicos analizados se realizaron sendos análisis de regresión. Las regresiones fueron estimadas a partir de los índices de fijación total (variable independiente x) y la suma de cuadrados (SC) dentro de cada subpoblación (variable dependiente y) calculados (Tabla 1).

Los valores del estadístico T empleado para el cálculo de la significancia estadística de los coeficientes de regresión para cada carácter analizado se presentan en la Tabla 2. La totalidad de los caracteres poligénicos analizados no presentaron coeficientes de regresión estadísticamente significativos ($|T_{veg}| < t_{6, 0,95} = 1,943$ y $(|T_{rep}| < t_{5, 0,95} = 2,015)$ con lo cual puede afirmarse que los valores medios de los caracteres cuantitativos no presentan efectos de endocría. Sin embargo, se debe considerar que como consecuencia de la acción de la selección natural, la cual suele manifestarse en los primeros estadios ontogénicos, en generaciones adultas como las analizadas en este trabajo podrían estar sobrerrepresentados aquellos genotipos heterocigotas y por lo tanto, detectarse niveles de endocría más bajos que los esperados [1].

En el presente trabajo seis de los ocho caracteres analizados mostraron marcadas diferencias entre los valores

Tabla 1: Valores medios (\bar{x}), \pm error estándar, suma de cuadrados (SC) e Índice de Fijación total (Θ) para cada carácter

Carácter	Estima	Subpoblación							
		Santa Ana A	Santa Ana B	Candelaria C	Candelaria D	Tucumán P	Tucumán R	Calilegua A	Calilegua B
LL	\bar{x}	14,300 $\pm 1,369$	13,500 $\pm 0,899$	14,218 $\pm 0,679$	14,256 $\pm 1,574$	10,794 $\pm 1,045$	12,107 $\pm 0,613$	19,537 $\pm 1,334$	19,082 $\pm 0,863$
	SC	95,440	51,678	448,552	291,436	46,799	101,344	751,568	215,493
AL	\bar{x}	15,099 $\pm 1,055$	15,231 $\pm 0,799$	14,307 $\pm 0,712$	14,918 $\pm 1,312$	8,742 $\pm 0,383$	10,484 $\pm 0,409$	10,288 $\pm 0,533$	10,555 $\pm 0,460$
	SC	57,142	104,196	256,764	10,656	28,434	68,635	115,83	82,823
LL/AL	\bar{x}	0,963 $\pm 0,078$	0,960 $\pm 0,036$	1,021 $\pm 0,069$	0,995 $\pm 0,044$	1,249 $\pm 0,096$	1,139 $\pm 0,065$	1,913 $\pm 0,044$	1,821 $\pm 0,056$
	SC	0,342	0,715	3,119	2,090	0,786	1,673	4,508	1,246
LV	\bar{x}	16,863 $\pm 1,410$	13,698 $\pm 0,282$	13,201 $\pm 1,906$	9,850 -	14,952 $\pm 1,039$	15,307 $\pm 1,220$	20,433 $\pm 1,135$	24,437 $\pm 1,773$
	SC	2846,110	824,624	859,554	-	1302,182	4106,138	999,690	524,019
AV	\bar{x}	4,392 $\pm 0,064$	2,070 $\pm 0,041$	1,851 $\pm 0,168$	1,725 -	2,407 $\pm 0,133$	2,672 $\pm 0,141$	2,166 $\pm 0,096$	2,140 $\pm 0,081$
	SC	2,291	13,414	1,990	-	39,559	63,771	3,467	0,649
NSF	\bar{x}	8,546 $\pm 0,722$	8,058 $\pm 0,443$	7,826 $\pm 1,247$	9,583 -	10,541 $\pm 1,316$	8,588 $\pm 0,678$	11,200 $\pm 0,576$	11,000 $\pm 0,923$
	SC	132,6	678,507	662,552	-	728,090	1802,730	54,800	54,400
LS	\bar{x}	1,277 $\pm 0,028$	1,142 $\pm 0,181$	1,158 $\pm 0,046$	1,077 -	1,634 $\pm 0,092$	1,527 $\pm 0,084$	0,929 $\pm 0,165$	1,277 $\pm 0,077$
	SC	7,314	4,070	3,570	-	3,567	2,693	12,680	3,900
Lts	\bar{x}	1,309 $\pm 0,040$	1,206 $\pm 0,051$	1,138 $\pm 0,049$	1,045 -	1,192 $\pm 0,031$	1,368 $\pm 0,134$	0,756 $\pm 0,980$	1,128 $\pm 0,042$
	SC	6,272	3,840	3,150	-	3,440	2,530	9,880	2,140
F_{m}		0,205	0,157	0,198	0,191	0,191	0,087	0,184	0,081

LL: Largo de Lámina, AL: Ancho de Lámina, LL/AL: relación Largo de Lámina/Ancho de Lámina, LV: Longitud de Vaina, AV: Ancho de Vaina, LS: Longitud de semillas, Lts: Latitud de semillas NSF: Número de semillas por fruto.

Tabla 2: Valor medio para cada carácter, componentes de la recta de regresión y estimación porcentual de la depresión por endocría

Parámetro	LL	AL	LL/AL	LV	AV	NSF	LS	LTS
\bar{x}	14,757	12,092	1,258	15,734	2,147	9,192	1,246	1,144
Mp (intercepto)	49,212	61,145	1,042	2501,200	46,019	1282,123	1,070	0,118
β (pendiente)	1243,133 ns	181,853 ns	4,749 ns	-5481,490 ns	-178,595 ns	-4407,238 ns	27,477 ns	27,583 ns
T	0,680	0,313	0,445	0,709	1,002	0,821	1,075	1,526
ID %	-2,530	-297,410	-455,760	219,150	388,090	343,750	-2567,900	-23375,420

LL: Largo de Lámina, AL: Ancho de Lámina, LL/AL: relación Largo de Lámina/Ancho de Lámina, LV: Longitud de Vaina, AV: Ancho de Vaina, LS: Longitud de semillas, LTS: Latitud de semillas NSF: Número de semillas por fruto

ns: no significativo estadísticamente ($T \geq 1,943$ caracteres vegetativos y $T \geq 2,015$ caracteres reproductivos)

medios de M_p y la media del carácter (Tabla 2) a pesar de esperarse valores similares entre M_p y la media del carácter en casos de ausencia de endocría [1]. Debe considerarse que cuando el método de regresión es utilizado en caracteres morfológicos los cuales son analizados en plantas adultas en el campo, la variación fenotípica entre subpoblaciones incluye un componente ambiental el cual podría tender a reducir la porción de esta varianza explicada por la regresión lineal [1].

El índice F_{IS} presentó un valor promedio de 0,032 (Tabla 3). Asumiendo apareamiento aleatorio, este valor indica una tasa esperada de endocría biparental baja (entre 3-4%). A partir de los coeficientes de coancestría estimados fue posible calcular el tamaño efectivo de las poblaciones (Tabla 3). El tamaño efectivo promedio representó el 90% del tamaño de las poblaciones analizadas, indicando que la mayoría de los individuos no están genéticamente relacionados y no están endocriados (Tabla 3).

Tabla 3: Índice de fijación (F_{IS}), coeficiente de coancestría (θ) y tamaño efectivo poblacional (N_e) basados en marcadores microsatélites.

Población	N	F_{IS}	θ	N_e
Santa Ana	16	0,073	0,034	14,706
Candelaria	20	0,095	0,027	18,519
Tucumán	14	0,051	0,041	12,195
Jujuy	19	0,082	0,029	17,241

La fragmentación de los bosques expone a las poblaciones de árboles a los efectos de la reducción del flujo génico [6] generando que en poblaciones pequeñas se espere un aumento de la coancestría, una reducción del tamaño efectivo poblacional y pérdida de la diversidad genética [15]. Los valores estimados del coeficiente de coancestría poblacional indicarían una tasa esperada de endocría biparental reducida. El tamaño efectivo de cada una de las poblaciones estimado a partir de este coeficiente fue elevado representando, en promedio, 90% del tamaño muestral de las poblaciones estudiadas, indicando que la mayoría de los individuos no están genéticamente relacionados y no están endocriados.

Debido a que el coeficiente de coancestría promedio mide el grado de relación por descendencia de los individuos de cada población y que el grado de relación entre estos individuos determinará el coeficiente de en-

doctría de la generación siguiente, es posible emplear las estimaciones del coeficiente de coancestría poblacional como una predicción del grado de endocría futuro en estas poblaciones. Siendo que estas poblaciones presentaron niveles bajos de coancestría se esperan descendencias con un reducido grado de endocría, en tanto y en cuanto, el tamaño de estas poblaciones se mantenga constante. Estas observaciones adquieren relevancia desde el punto de vista de la conservación e indican que la reducción en el número de individuos no modificó las frecuencias genotípicas.

Conclusiones

Las poblaciones no presentan efectos de endocría para los caracteres poligénicos analizados ya que no evidenciaron reducción de sus valores fenotípicos medios. En concordancia con ello, las poblaciones presentaron niveles bajos de coancestría y tamaño efectivo elevado lo cual permite afirmar que las mismas mantienen variabilidad genética para ser consideradas como posibles fuentes de germoplasma adaptado.

Agradecimientos

Este trabajo fue parcialmente financiado mediante el subsidio PIP- IU 2010-2012 N° 114-200901-00110 del Concejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y mediante el subsidio PICT 2011 N° 1795 del Fondo para la Investigación Científica y Tecnológica (FONCyT) otorgados a M. V. García.

Referencias

- Chaves, L.J.; Vencovsky, R.; Mendonca Silva, R.; Pires de Campos Telles, M.; Zucchi, M y Coelho A. Estimating inbreeding depression in natural plant population using quantitative and molecular data. *Conservation Genetics* 12:569-576. 2011.
- Ayroles, J.F.; Hughes, K.A.; Rowe, K.C.; Reedy, M.M.; Rodriguez-Zas, S.L.; Drnevich, J.M.; Cáceres, C.E y Paige, K.N. A genomewide assessment of inbreeding depression: gene number,

- function, and mode of action. *Conservation Biology* 23:920-930. 2009.
3. Keller, F. and Waller, M. Inbreeding effects in wild populations. *TRENDS in Ecology & Evolution* 17(5):230-241. 2002.
 4. Lynch, M. y Walsh, B. Genetics and analysis of quantitative traits. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts, USA p.980. 1998.
 5. Tortorelli, L. A. Maderas y bosques argentinos. Orientación Gráfica Editora, p. 515. 2009.
 6. Young, A.; Boyle, T. y Brown, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends in Ecology & Evolution* 11:413-418. 1996.
 7. Prado, D.E. y Gibbs, P.E. Patterns of species distributions in the dry seasonal forests of South America. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 80:902-927. 1993.
 8. Di Bitetti, M.S.; Placci, G. y Dietz L.A. Una visión de biodiversidad para la ecorregión del Bosque Atlántico del Alto Paraná: Diseño de un paisaje para la conservación de la biodiversidad y prioridades para las acciones de conservación. Washington D.C. World Wildlife Fund p. 154. 2003.
 9. Barrandeguy, M.E; Prinz, K; García, M.V. y Finkeldey, R. Development of microsatellite markers for *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (fabaceae), a native tree from South America. *American Journal of Botany* e372-e374. 2012.
 10. Kleinbaum, D.G; Kupper, L.L; Nizam, A. y Muller, K.E. Applied Regression Analysis and Other Multivariable Methods. Books/ Cole Cengage Learning p. 906. 2008.
 11. Lindgren, D. y Mullin, T.J. Relatedness and status number in seed orchard crops. *Canadian Journal of Forest Research* 28:276-283. 1998.
 12. Loiselle, B.A.; Sork, V.L.; Nason, J. y Graham, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). *American Journal of Botany* 82:1420-1425. 1995.
 13. Vekemans, X. y Hardy, O.J. New insights from fine-scale spatial genetic structure analysis in plant populations. *Molecular Ecology* 13: 921-935. 2004.
 14. Noiton, A.M.D. y Alspach, A.P. Founding Clones, Inbreeding, Coancestry and Status Number of Modern Apple Cultivars. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 121(5):773-782. 1996.
 15. Sebbenn, A.M; Carvalho, A.C.M; Freitas, M.L.M; Moraes, S.M.B; Gaino, A.P.S.C; da Silva, J.M; Jolivet, C. y Moraes, M.L.T. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. *Heredity* 106:134-145. 2011.

Recibido: 11/02/2014

Aprobado: 22/05/2014