

En el presente trabajo se caracterizaron aborígenes Mbyá-Guaraní de diversos asentamientos de la provincia de Misiones en los polimorfismos que definen los 4 principales linajes maternos amerindios, y en 7 microsatélites (STRs) del cromosoma Y (DYS19, DYS389I y II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393). Se tipificaron 46 individuos de los cuales 37 eran varones. El ADN fue extraído a partir de hisopado bucal. Los polimorfismos fueron determinados mediante amplificación por PCR y digestión con enzimas de restricción (ADN mitocondrial) y electroforesis en geles de agarosa y acrilamida (STRs). Los resultados más relevantes fueron la alta frecuencia del linaje materno A (47,8%), de baja incidencia en la mayoría de las poblaciones amerindias sudamericanas. Sólo uno de los individuos estudiados no pudo ser asignado a alguno de los 4 haplogrupos mitocondriales, estimándose que se trata de un linaje no amerindio, dada la virtual ausencia del linaje X en las poblaciones sudamericanas estudiadas. El rango de variación de alelos y frecuencias encontradas en los STRs del cromosoma Y coincide, en general, con lo observado en otras poblaciones amerindias de la región. La excepción está dada por la alta incidencia (cerca al 50%) del alelo 11 (115pb) del sistema DYS393, encontrado únicamente en unos pocos individuos del área amazónica y de Centroamérica. La inusual distribución observada, tanto para los linajes maternos como para los STRs del Cromosoma Y, sugieren la acción de fuerzas evolutivas aleatorias (deriva génica, efecto fundador), a partir de un evento migratorio desde la zona anteriormente mencionada.

GPEyF 14

DETERMINACIONES CROMOSÓMICA Y DE POTENCIAL GERMINATIVO EN *Chenopodium graveolens* Willd. Var. *Bangii* (Mur.) Aellen

Pastoriza A del V, AB Andrada. Cátedra Genética. Facultad de Agronomía y Zootecnia (UNT). Av. Roca 1900. 4000. Tucumán, Argentina. E-mail: adrianapastoriza@yahoo.com.ar

Chenopodium graveolens Willd. Var. *Bangii* (Mur.) Aellen (*Quenopodiaceas*) es una hierba anual que se distribuye en Perú, Bolivia y Argentina. Sus hojas y tallos se emplean en infusión como medicinal. Por su importancia en la industria, resulta de interés conocer aspectos relacionados con la genética y el potencial germinativo de las semillas para estimar posibilidades de difusión. Citogenéticamente, Darlington y Wylie citan para el género, un número básico $x=8?, 9?$, pero

no se dispone de datos relacionados con la especie. El objetivo de este trabajo es realizar la determinación cromosómica de la especie y el potencial germinativo de las semillas. El material provino de la localidad de La Hoyada, Santa María, Catamarca. Se hicieron germinar las semillas a temperatura y humedad controladas. Para la determinación cromosómica se obtuvieron las microfotografías de las metafases mitóticas. Los valores máximos de germinación se dieron a las 96 hs., con un 47,6% de semillas germinadas. El poder germinativo sugiere una buena fertilidad de sus semillas, teniendo en cuenta que es una especie nativa, con estrategias de supervivencia para asegurar la permanencia de la misma en el tiempo y en el espacio. En cuanto a la determinación cromosómica, se observó un $2n=54$, indicando que se trata de una especie hexaploide, considerando el número básico $x=9$ señalado para el género. Los cromosomas son pequeños, con un tamaño que osciló entre 1 y 2. En el futuro, se completará este estudio con el análisis de la meiosis y de variabilidad genética en diferentes poblaciones.

GPEyF 15

DISTRIBUCION DE FRECUENCIAS ALÉLICAS EN 15 LOCI STR DE LA POBLACIÓN DE LA PATAGONIA CENTRAL, ARGENTINA

Basso NG, NL Olivera. Centro Nacional Patagónico (CENPAT-CONICET), Blvd. Brown 3500, Puerto Madryn, Argentina. dna-lab@cenpat.edu.ar

Actualmente se utilizan diversos marcadores genéticos STR (Short Tandem Repeats) para la identificación de individuos mediante tipificación de ADN, tanto en casos forenses como en análisis de parentesco. Dado que la distribución de frecuencias de los alelos difieren entre poblaciones para distintos loci, es necesario contar con una base de datos que represente las frecuencias alélicas de la población en estudio. En el presente trabajo presentamos las distribuciones alélicas de 15 loci STR de la población de la Patagonia Central, Provincia del Chubut, Argentina. A partir del ADN proveniente de 142 muestras de individuos no relacionados, se amplificaron los marcadores genéticos D3S1358, TH01, D21S11, D18S51, Penta E, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSFIPO, Penta D, vWA, D8S1179, TPOX, FGA utilizando el kit PowerPlex® 16 System de Promega. Los productos amplificados se detectaron usando un Secuenciador ABI PRISM® 377 (Applied Biosystems). Las frecuencias alélicas se calcularon por el método de conteo directo, y el equilibrio de Hardy-Weinberg fue testeado utilizando el programa Arlequin

ver. 2.000. Se evaluó la utilidad potencial de cada loci determinándose su poder de discriminación y su probabilidad de exclusión. Los resultados obtenidos demuestran que los 15 loci estudiados se encuentran en equilibrio según los presupuestos del modelo de Hardy-Weinberg y que son altamente discriminantes para la población del centro de la Patagonia.

GPEyF 16

DETECCION DE *Wolbachia* EN POBLACIONES SUDAMERICANAS DE GORGOJOS A TRAVES DE LOS GENES 16SrDNA Y FtsZ

Rodriguero MS¹, AA Lanteri² y VA Confalonieri¹.
¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Fac. Cs. Exactas y Naturales, UBA, Ciudad Universitaria, 1428 Buenos Aires, Argentina. ²Departamento Científico de Entomología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, 1900 La Plata, Argentina. E-mail: rodriguero@bg.fcen.uba.ar

El complejo taxonómico *Pantomorus-Naupactus* está formado aproximadamente por 250 especies. Varias de ellas son partenogenéticas (e.g. *Naupactus cervinus*, *N. peregrinus*, *N. leucoloma* o *Aramigus tessellatus*), y otras presentan un sesgo hacia el sexo femenino (e.g. *Naupactus verecundus*), aunque en estas especies no se ha estudiado en detalle su sistema reproductivo. En *A. tessellatus* y en *N. cervinus* se identificó la presencia del endosimbionte *Wolbachia* como la causa más probable de este tipo de reproducción (Werren *et al.*, 1995; Rodriguero *et al.*, 2004). En el curso de su evolución, esta bacteria ha sufrido eventos de transferencia horizontal repetidas veces, por lo que resultará sumamente interesante estudiar las diferentes especies de *Wolbachia* que pueden infectar a hospedadores pertenecientes al mencionado complejo taxonómico, y aún a poblaciones dentro de una misma especie de gorgojo. En el presente trabajo se utilizaron cebadores específicos que amplifican dos genes de *Wolbachia* (16SrDNA y FtsZ), detectándose la presencia de este microorganismo en tres poblaciones de *N. cervinus* (Rio Grande do Sul y Buenos Aires), en dos poblaciones de *A. tessellatus* (Buenos Aires), en una población de *N. verecundus* (Mendoza) y en una población de *N. leucoloma*, (Mendoza). El análisis de las secuencias de los genes mencionados permitirá estudiar la ocurrencia de infecciones con múltiples especies de *Wolbachia* en una misma especie de hospedador mediante la determinación de los subgrupos taxonómicos a los que pertenecen dichas bacterias, así como también analizar las relaciones filogenéticas de las mismas dentro del complejo taxonómico *Pantomorus-Naupactus*.

GPEyF 17

ESTRUCTURA POBLACIONAL DEL PICUDO DEL ALGODONERO *Anthonomus grandis*: UNA APROXIMACIÓN BAYESIANA

Guzmán N¹, V Lía¹, A Lanteri² & V Confalonieri¹.
¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Fac. Cs. Exactas y Naturales, UBA, Ciudad Universitaria, 1428 Buenos Aires, Argentina. ²Departamento Científico de Entomología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, 1900 La Plata, Argentina. E-mail: noneguzman@yahoo.com.ar

La historia evolutiva del picudo del algodón parece estar relacionada tanto con la historia filogenética y de diversificación de las plantas huéspedes de la familia Malvaceae, como con la expansión del cultivo del algodón. La hipótesis tradicional propone un origen Mesoamericano de *A. grandis* y una invasión de América del Sur desde mediados del siglo XX, debido al incremento de la actividad algodonera. Sin embargo, estudios filogeográficos recientes sugirieron que existirían poblaciones ancestrales asociadas con áreas de vegetación nativa, que se habrían dispersado naturalmente. Se inició entonces un estudio de RAPDs de alta resolución con el objeto de investigar la estructura poblacional de picudos provenientes de áreas pristinas, cultivadas y de ecotono. Fueron analizados 77 loci en siete poblaciones de Argentina, Brasil y EEUU. Se estimaron parámetros poblacionales aplicando un método Bayesiano que no requiere asumir equilibrio al utilizar marcadores dominantes. Se observó que la población colectada en el parque Urugua-i mostró niveles elevados de variabilidad, típica de poblaciones ancestrales, en tanto que las muestras recolectadas en zonas algodoneras evidenciaron niveles más bajos. Mediante otra aproximación Bayesiana, se analizó la estructura de estas poblaciones, asignando el total de individuos a un número indeterminado de subpoblaciones, sin considerar su origen geográfico; se estimó además para cada uno de ellos que fracción de su genoma corresponde a cada subpoblación. Se demostró que aquellas poblaciones con elevada variabilidad genética se encuentran subestructuradas, presentando individuos de distintos orígenes.

GPEyF 18

CONDICIONES EXTREMAS DEL GRADIENTE ALTITUDINAL EN PATAGONIA MANTIENEN DIFERENCIAS GENÉTICAS EN *Nothofagus pumilio*: UN EXPERIMENTO EN JARDÍN COMÚN

Mathiasen P, AC Premoli, E Raffaele. Laboratorio Ecotono, Universidad Nacional del Comahue, Bariloche, Argentina. E-mail: apremoli@crub.uncoma.edu.ar