

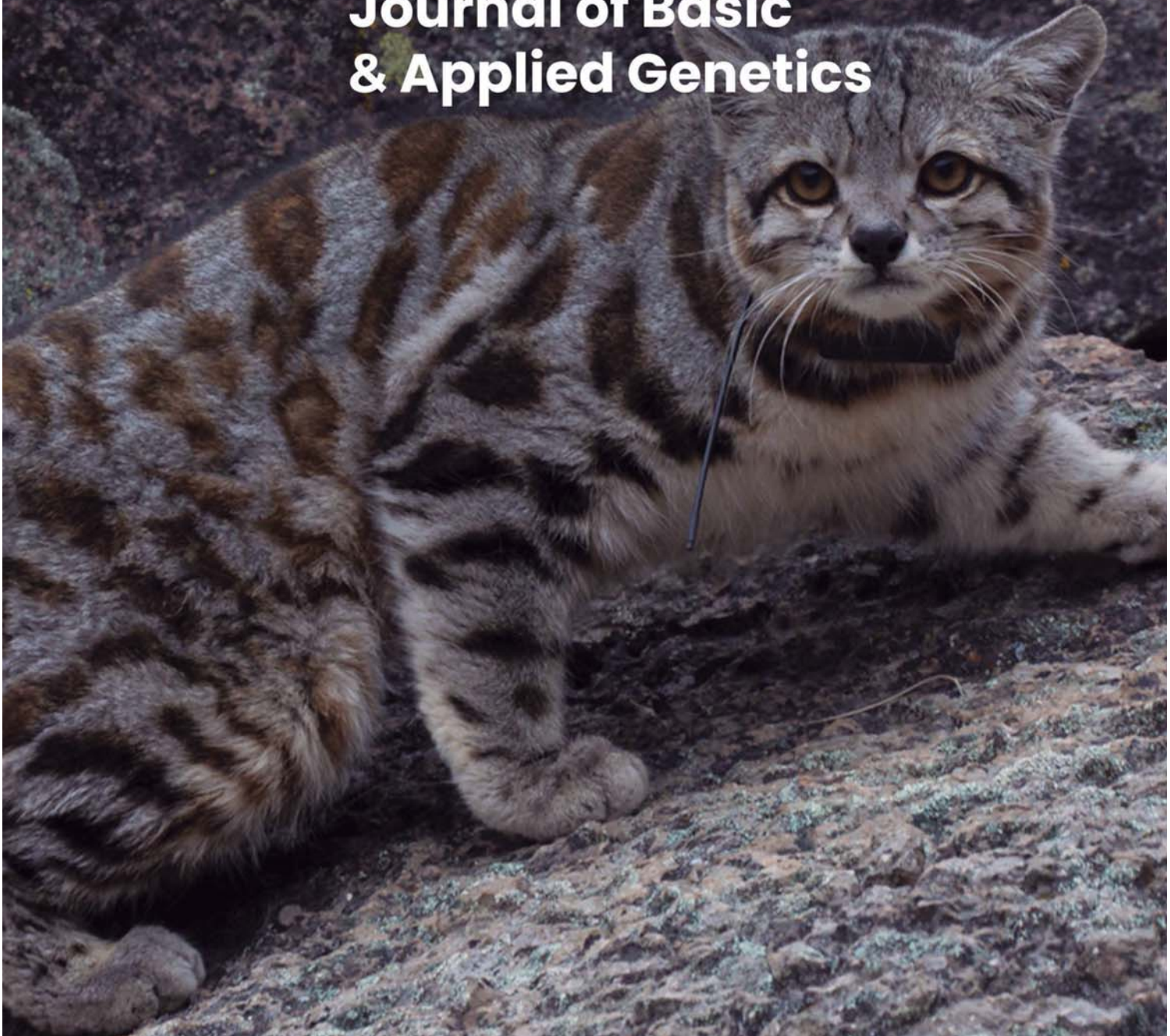
(Formerly MENDELIANA)



July 2019  
Volumen XXX  
No. 1 (suppl.)  
E-ISSN: 1852-6322

# BAG

**Journal of Basic  
& Applied Genetics**



**Journal of the Argentine Society of Genetics**  
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

[www.sag.org.ar/jbag](http://www.sag.org.ar/jbag)  
**Buenos Aires, Argentina**



# BAG

## Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXX - No. 1 (suppl.)

October 2019

Included in:



Cited by:





**ALAG**  
MENDOZA,  
ARGENTINA **2019**

**La arquitectura  
del genoma:  
su expresión en  
los fenotipos  
y las poblaciones**

**6 AL 9 DE OCTUBRE DE 2019**

**XVII CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA  
XLVII CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA  
LII REUNIÓN ANUAL DE LA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE  
VI CONGRESO DE LA SOCIEDAD URUGUAYA DE GENÉTICA  
V CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA HUMANA  
V SIMPOSIO LATINOAMERICANO DE CITOGENÉTICA Y EVOLUCIÓN**

## **Organizadores**



**V SLACE**

meiotic components to disturbance and could be rooted in genetic control of chromosome pairing as occur in wheat and brassica.

---

## EVOLUCIÓN DE LA FLORA SUDAMERICANA

Coordinadora: Solís Neffa V.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IBONE (UNNE-CONICET), FACENA (UNNE), Argentina. vsolneff@gmail.com

Los actuales patrones de biodiversidad de la flora Sudamericana son, en parte, el resultado de procesos de diversificación de las poblaciones en el espacio y en el tiempo relacionados o causados por cambios climáticos o eventos geológicos. En la actualidad, diferentes biomas sudamericanos están siendo afectados por cambios en el uso del suelo y el avance de la frontera agropecuaria, generando un proceso de transformación del paisaje y una pérdida importante de biodiversidad. En este contexto, el objetivo de este simposio es combinar la información existente sobre los patrones de diversidad genética de diferentes especies de plantas representativas de diferentes biomas sudamericanos con el empleo de herramientas de SIG, a fin de interpretar los procesos evolutivos que la generaron y la respuesta de las poblaciones a los patrones actuales e históricos de cambio ambiental ocurridos en Sudamérica, así como para contribuir con información de base para el establecimiento de estrategias racionales de conservación y uso de los recursos genéticos de la flora sudamericana.

## PHYLOGEOGRAPHIC APPROACHES FOR SOUTH AMERICAN GRASSLAND SPECIES

Freitas L.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brazil.loreta.freitas@ufrgs.br

Species with a wide distribution, especially those that occupy different bioregions or biomes, may present structuration in their genetic diversity as a function of geographic barriers to gene flow, by differential action of stochastic processes throughout the distribution, isolation by distance or even isolation by ecology. All these processes can lead to high rates of diversity and substructure in populations. Such isolated populations may respond differently to climatic changes, both historical and future according to their genetic diversity and, particularly in the case of plants, their reproductive mechanisms and means of dispersion. The annual herb *Petunia parodii* (Solanaceae) can be found in the tropical and subtropical South American grasslands in Pampas and Chaco. Ecological niche modeling suggested that the suitable habitat for this taxon scattered during the Last Glacial Maximum, while during the Holocene its distribution decreased and came fragmented. Several rivers cross the species distribution and can act as barriers to the gene flow among populations, historically as well as recently. Moreover, soil, vegetation, and elevation vary throughout its geographic range. In this study, we obtained high-density genome coverage for *P. parodii* aiming to better understand the evolutionary history of this taxon as a significant component of grassland ecosystems in South America. To that, we utilized thousands of informative single nucleotide polymorphisms (SNPs) obtained through genotyping-by-sequencing (GBS) method analyzed in a phylogeographic context.

## EVENTOS GEO-CLIMÁTICOS INVOLUCRADOS EN LA DIVERSIFICACIÓN DE PLANTAS NATIVAS DE SUDAMÉRICA

Acosta M.C.<sup>1</sup>, A. Cosacov<sup>1</sup>, M.A. Scaldaferrro<sup>2</sup>, D.L. Aguilar<sup>2</sup>, M.S. Chiabrando<sup>2</sup>, A.A. Cocucci<sup>2</sup>, A.N. Sérsic<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV) CONICET-UNC, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. mcacosta@imbiv.unc.edu.ar

Sudamérica posee una gran diversidad de ambientes y biomas. Este complejo mosaico es el resultado de la interacción a través del tiempo de plantas y animales con distintos procesos geológicos que moldearon la geografía del continente. El número de análisis filogeográficos ha ido incrementándose exponencialmente desde los últimos años, y ya se cuenta con información de los procesos de diversificación en la mayoría de las regiones biogeográficas del sur de Sudamérica. En esta comunicación se analizaron los patrones de diversidad

genética de especies de *Capsicum*, *Nierembergia*, y *Prosopis*, que se distribuyen especialmente en las regiones Chaco-Pampeana y los Bosques Secos Estacionales y se compararon con estudios realizados en otras especies. En general, las ingresiones marinas y el levantamiento de las cadenas montañosas ocurridas en el Mioceno y las grandes glaciaciones del Pleistoceno habrían aislado poblaciones que propiciaron la diversificación de la biota actual, pero también habrían proporcionado distintas rutas de dispersión, contribuyendo a los ciclos de conexión y desconexión de las distintas comunidades. En particular, *C. baccatum*, que crece en los Bosques Secos Estacionales, se habría diversificado en dos linajes este-oeste, debido al período de aridización ocurrido en los principales ciclos glaciarios. Por otro lado, en *C. chacoense*, y especies de *Nierembergia* y *Prosopis*, que habitan predominantemente la región Chaco-Pampeana, los distintos sistemas orográficos habrían propiciado refugios y zonas de gran diversificación de variantes genéticas.

## HUELLAS DE REFUGIOS, EXPANSIÓN Y CONTRACCIÓN EN LA FLORA URUGUAYA

Speranza P.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. [pasp@fagro.edu.uy](mailto:pasp@fagro.edu.uy)

Con el objetivo de establecer estrategias racionales de conservación y uso de los recursos genéticos nos hemos propuesto comprender la estructuración geográfica de la variabilidad genética de la flora uruguaya, y establecer hipótesis sobre los procesos que la determinan. Estos estudios se han llevado a cabo en colecciones propias y en colaboración con grupos regionales; se han incluido especies de interés para el mejoramiento y especies modelo con diferentes atributos de formas de vida y sistema reproductivo. En los últimos 10 años se han analizado las colecciones con diversos tipos de marcadores morfológicos y moleculares, de herencia materna y biparentales, dominantes y codominantes, y la información se ha sometido a diversos tipos de análisis. De los análisis realizados, con por los menos 7 colecciones, surge un patrón de estructuración complejo. En la mayoría de los casos las poblaciones locales tienden a mostrar más variabilidad y diferenciación que las poblaciones de regiones vecinas. En general, la variabilidad genética aparece asociada a la geomorfología y es congruente con una historia de fluctuaciones en el área de distribución de las especies. Estas fluctuaciones han generado un patrón de estructuración aún mayor en las poblaciones dispersas de los frentes de avance y retaguardia de las distribuciones observados o predichos por modelación de nicho. Son estas poblaciones que contienen genotipos más diversos y morfológicamente más diferenciados de gran valor potencial para la conservación, manejo y utilización del germoplasma de estas especies.

## PATRONES DE DIVERSIDAD GENÉTICA Y EVOLUCIÓN DE ESPECIES DE LA FLORA DEL GRAN CHACO SUDAMERICANO

Solís Neffa V.<sup>1</sup>, E. Paredes<sup>1</sup>, N. Almirón<sup>1</sup>, S. Fernández<sup>1</sup>, C. Silva<sup>1</sup>, S. Moreno<sup>1</sup>, E. Kovalsky<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IBONE (UNNE-CONICET) – FACENA (UNNE), Argentina. [vsolneff@gmail.com](mailto:vsolneff@gmail.com)

El Gran Chaco Americano (GCA) es una llanura sedimentaria que ocupa una gran extensión entre Argentina, Bolivia, Paraguay y Brasil. La existencia de gradientes de temperatura y humedad así como las características edáficas y topográficas permiten la formación de una gran diversidad de ambientes que se traduce en una alta biodiversidad. Estas características hacen del GCA una región de gran importancia socio-ambiental de Sudamérica. El GCA estuvo sujeto a una sucesión de períodos secos y húmedos durante el Cuaternario, sin embargo, los datos para probar hipótesis relacionadas a la respuesta de las poblaciones a dichos cambios climáticos son escasos. En la actualidad, es escenario de procesos de cambio de uso del suelo y de transformación del paisaje, los que pueden repercutir en la dispersión de la biota, reduciendo el flujo génico entre poblaciones y afectando negativamente sobre la viabilidad de las mismas. Por lo tanto, el conocimiento de la biología evolutiva de las especies resulta de interés para la identificación de áreas prioritarias para la conservación que contemplen el mantenimiento de la variabilidad genética y los procesos evolutivos que la generan y mantienen. En este contexto, se analiza el grado de estructuración espacial y la conectividad funcional de las poblaciones de especies seleccionadas mediante la combinación de datos genéticos y el empleo de modelos espaciales, a fin de evaluar diferentes hipótesis acerca de la relación entre la distribución de la variación genética y la adaptación a ambientes particulares del Gran Chaco Americano.