



III Reunión Argentina de Biología Evolutiva

Sede

Ciudad Universitaria, Pabellón 2
Ciudad Autónoma de Buenos Aires

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
-UBA-

5 al 7 de agosto del 2019

Historia de una invasión: *Nicotiana glauca* Graham

Issaly E. A.¹, Leigh J.², Baranzelli M. C.^{1,3}, Paiaro, V.¹, Sérsic A. N.¹

1 Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), Universidad Nacional de Córdoba, CONICET.

2 Department of Biology, Brigham Young University.

3 Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México

Las invasiones por plantas representan una de las principales amenazas para los ecosistemas naturales. La diversidad y los cambios en la estructura genética espacial en el rango invadido son factores claves para determinar la capacidad invasora y el potencial evolutivo de una especie. Altos niveles de diversidad genética en áreas invadidas podrían reflejar múltiples introducciones provenientes de varias regiones del rango nativo, mientras que una baja variabilidad genética podría ser resultado del efecto fundador a partir de pocos genotipos con amplio rango de tolerancia fisiológica y plasticidad fenotípica. Entonces, la variabilidad genética de las poblaciones invasoras sería producto de la diversidad genética preexistente en el rango nativo y/o la cantidad de fuentes de introducción.

Aproximaciones filogeográficas utilizando marcadores neutrales permiten rastrear posibles rutas de invasión, estimar el número de introducciones y comparar la variabilidad genética entre poblaciones fuente e invasoras. Esta información ayudaría a determinar la importancia relativa de la deriva y el flujo genético sobre el proceso de invasión y su condicionamiento sobre la respuesta a la selección en las áreas invadidas.

Nicotiana glauca R. Graham (Solanaceae) es una planta arbustiva ornitófila nativa de Sudamérica, que ha invadido regiones áridas y semiáridas de todo el mundo. Con el objetivo de comparar la diversidad genética y la estructuración espacial de *N. glauca* en el rango nativo e invadido e identificar las posibles poblaciones fuente, estudiamos 34 poblaciones ($N_{ind}=237$) a lo largo de su rango nativo y 28 poblaciones introducidas ($N_{ind}=178$), utilizando dos marcadores de ADN cloroplastidial. Construimos redes de haplotipos, árboles filogenéticos, estimamos tiempos de divergencia y comparamos distintos índices de diversidad genética entre y dentro de las áreas nativas e invadidas. Encontramos alta diversidad haplotípica en la región nativa, 17 haplotipos agrupados en tres linajes bien diferenciados en términos genéticos pero distribuidos en simpatría, sugiriendo posible contacto secundario. Observamos un linaje más antiguo que se separa hace 4,3 millones de años y dos linajes que divergen más recientemente hace 2,7 millones de años. Por el contrario, en el rango invadido encontramos un único haplotipo en todo el mundo y en consecuencia niveles drásticamente más bajos de estructuración y diversidad genética. Estos cambios de diversidad y estructuración genética entre el rango nativo e invadido sugieren que las poblaciones introducidas comparten un origen común presente en la región nativa y que posiblemente pocas variables genéticas fueron particularmente exitosas durante la invasión, sin limitar su tolerancia para establecerse en nuevos ambientes.