

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA ESPACIAL DE UNA POBLACIÓN ARGENTINA DE *Anastrepha fraterculus* MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES SSR Y MORFOMÉTRICOS

Freilij D.¹, P.V. Gómez Cendra^{1,2}, A.I. Rodríguez¹, L.I. Ferreyra¹, J.C. Vilardi^{1,2}. ¹Genética de Poblaciones Aplicada (GPA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET-Universidad de Buenos Aires, Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA), Buenos Aires, Argentina. damianfreilij@gmail.com

La mosca sudamericana, *Anastrepha fraterculus*, causa daños significativos a cultivos frutales. El objetivo de este estudio fue analizar la distribución espacial de la variación genética y morfológica en una población de esta especie. Se estudiaron 4 loci SSR y 6 rasgos morfométricos en 105 adultos provenientes de 35 frutos de 7 guayabos de San Pablo, Tucumán. La distribución de la varianza molecular y morfométrica se evaluó respectivamente mediante AMOVA y análisis lineal generalizado multivariado (MCMCgmm) considerando los niveles árbol/fruto/individuo. La estructura poblacional críptica y estructura espacial se evaluaron para ambos marcadores mediante autocorrelación espacial, DAPC y el software Geneland. Los loci analizados fueron muy variables, con 12,75 alelos promedio por locus y $H_E = 0,71$. Se observó exceso de homocigotas ($F_{IS} = 0,20$). Para los dos tipos de marcadores la diferenciación entre árboles fue significativa, pero no así la variación entre frutos dentro de cada árbol. El DAPC para ambos tipos de marcadores identificó 4 grupos bien diferenciados, pero no consistentes entre sí. No se encontró autocorrelación espacial para ningún marcador. El análisis mediante Geneland que combina la información geográfica, molecular y morfométrica identificó 3 grupos (clusters) con un alto nivel de hibridación (50%). Tomados en conjunto, los análisis realizados sugieren la ocurrencia de una alta heterogeneidad dentro de la población muestreada, aunque la dispersión reduciría la diferenciación genética entre las hembras que colonizan frutos de diferentes árboles.

ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO Y MODELADO DE NICHOS ECOLÓGICO EN POBLACIONES SUDAMERICANAS DE *Trimerotropis pallidipennis*

Gandini L.M.¹, V.A. Confalonieri¹, N.V. Guzmán¹. Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA), CONICET-UBA, FCEyN, Buenos Aires, Argentina. luciano.gandini29@gmail.com

El complejo de especies de saltamontes *Trimerotropis pallidipennis* (Oedipodinae: Acrididae) está conformado por al menos tres linajes genéticos distribuidos en zonas áridas y de gran altitud a lo largo de América. Llamativamente en Argentina presenta una mayor diversidad ambiental acompañada por la presencia de poblaciones con polimorfismos para un conjunto de inversiones cromosómicas pericéntricas, cuyas frecuencias varían de manera clinal a lo largo de un gradiente altitudinal. El objetivo de este trabajo es comprender los procesos que han originado el patrón de distribución y estructura genética observado en poblaciones de *T. pallidipennis* mediante un análisis filogeográfico y de modelado de distribución de especies (MDE) y poner a prueba la hipótesis según la cual la clina de inversiones sería adaptativa. Se secuenció un fragmento del gen mitocondrial citocromo oxidasa en 43 individuos provenientes de 6 poblaciones sobre una clina altitudinal en la provincia de La Rioja (Argentina), 9 individuos de Icalma (Chile) y 7 de Cochabamba (Bolivia). Complementariamente a esto se construyeron MDE para el último máximo glacial, holoceno medio y último periodo interglaciario. Los análisis filogeográficos permitieron determinar el linaje genético al cual pertenecen las poblaciones analizadas y proveer evidencias que apoyan la hipótesis propuesta. El MNE reveló posibles refugios consistentes con el patrón de estructuración genética observado entre las poblaciones presentes en Sudamérica, al igual que en otras especies de ortópteros, plantas y vertebrados.