

CAPÍTULO 7

Materiales de propagación para plantaciones de algarrobo con distintos objetivos

Diego López Lauenstein, Carmen Vega, Mariana Melchiorre, Javier Frassoni, Jacqueline Joseau, Inés Clelia Gómez, Rocío Carreras, Mariano Cony, Cecilia Bessega, Aníbal Verga

7.1. Introducción

En Argentina el consumo de madera de algarrobo por parte de los aserraderos proviene casi exclusivamente del bosque nativo. Si bien hay plantaciones en distintas áreas dentro de la región chaqueña, estas no tienen ni la edad suficiente ni el manejo correspondiente para poder satisfacer de materia prima las necesidades actuales de la industria. En este sentido, es necesario promover e incentivar un aumento en el ritmo de plantación de algarrobos. Sin embargo, si no se cuenta con materiales de propagación adecuados, los aumentos de la superficie y ritmo de forestación no alcanzarán para proveer materia prima de calidad y en cantidad suficiente para sostener la industria.

En el cultivo de especies forestales el concepto "materiales básicos de propagación" o simplemente "materiales de propagación" se refiere a las fuentes de semillas a partir de las cuales se producen los plantines que se llevarán a plantación (Resolución INASE, 256/99, 1999). Hay materiales de propagación que se componen de sectores elegidos del bosque natural en donde se cosechan las semillas bajo protocolos establecidos, y también puede haber materiales de propagación artificiales, o sea plantaciones llevadas a cabo con el objetivo de proveer de semilla. En ambos casos se tienen en cuenta criterios de calidad genética, ya sea para la elección del sitio para cosechar en el bosque natural o en la elección de los individuos que componen la plantación. También en ambos casos es relevante el manejo prescripto, a partir del cual pueden ralearse los individuos indeseados de modo de aumentar la calidad genética de la masa forestal que producirá la semilla (Pastorino *et al.*, 2015).

Además de las plantaciones productivas, existen otros tipos de plantaciones posibles con algarrobos (ver capítulo 6), y para cada tipo deben desarrollarse materiales de propagación adecuados, entre los que puede haber coincidencia para algunos propósitos, pero pueden requerir particularidades en otros. Entonces, para lograr plantaciones exitosas es indispensable comenzar con una adecuada elección de los materiales de propagación. En este sentido, la calidad del material de propagación tiene dos componentes: calidad botánica y calidad genética.

En este capítulo detallaremos los requisitos de calidad botánica y genética que tienen que tener los materiales de propagación de las principales especies de *Neltuma* que se utilizan para los distintos tipos de forestaciones en Argentina según el Instituto Nacional de Semillas (INASE). Se presenta una tecnología novedosa para recubrir semillas y obtener semillas de *Neltuma* preinoculadas con rizobacterias simbióticas específicas fijadoras de N_2. También se describirán estudios de base sobre los Recursos Genéticos y los avances en el Programa de Mejoramiento Genético.

7.2. Recursos genéticos

Entre las leyes que rigen en Argentina en relación con los Recursos Genéticos Forestales (RRGGF) está la Ley 27.182/2015 entrada en vigencia el 15/08/2016. Esta ley da adhe-

sión al Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (TIRFAA) de la FAO (FAO, 2014; argentina.gob.ar, 2022). Los objetivos del presente Tratado son la conservación y la utilización sostenible de los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura y la distribución justa y equitativa de los beneficios derivados de su utilización en armonía con el Convenio sobre la Diversidad Biológica, para una agricultura sostenible y la seguridad alimentaria. Dentro de este tratado se incluye, en su Anexo 1, la "Lista de cultivos comprendidos en el sistema multilateral" entre los cuales se incluye a especies del género *Neltuma* como especie leguminosa forrajera regulada por este tratado para su conservación y uso.

Los países adheridos al TIRFAA deben alentar estudios sobre la conservación, prospección, recolección, caracterización, evaluación y documentación de los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura. En lo que respecta a especies del género *Neltuma*, su uso y conservación se legisla desde este tratado.

Las semillas que se utilizan para la producción forestal o para la restauración de áreas degradadas deben ser obtenidas de Materiales Básicos inscriptos en el Instituto Nacional de Semillas (INASE) bajo categorías de fuentes de semillas identificadas, seleccionadas o calificadas. Al momento, para estas especies solo existen fuentes seleccionadas cuando proceden de Rodales Semilleros (RS), o identificadas cuando proceden de Áreas Productoras de Semillas (APS) como lo establece la Resolución 256 del INASE (1999) en su clasificación de fuentes de materiales básicos. Un RS es un grupo de árboles de base genética amplia, lo suficientemente aislado como para reducir los efectos contaminantes de polen foráneo, y que, por presentar características deseables en cuanto a forma, crecimiento y sanidad de los árboles, es manejado para producir semillas. Aquí los individuos de baja calidad se eliminan y solamente se conservan los mejores progenitores para cruzarlos. Estos son seleccionados por sus cualidades fenotípicas y rara vez son sometidas a pruebas de progenies. Las APS son el espacio físico de producción de semillas que no cumple con uno o más requisitos de la definición anterior.

Al inscribir un Material Básico Forestal (MBF), el INASE le otorga un código o pasaporte identificatorio. En la Tabla 1 se presentan algunos materiales inscriptos en el INASE. Si se toma como ejemplo el material básico 1X5527JPr, este surge de la combinación del número del APS inscripto por la entidad desde el 1 en adelante, una letra que representa a la provincia (X= Córdoba), el número de la razón social (5527= Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Nacional de Córdoba), la letra J que representa la categoría de vivero en la cual se haya inscripto (J= Vivero Identificador) y Pr que simboliza el género (*Prosopis*).

7.3. Colecta, trilla y almacenamiento de semillas

La primera etapa de la recolección de las semillas comienza en el gabinete con el análisis de las zonas y material para colectar. Se realiza una prospección (exploración) a través de imágenes satelitales, análisis de información de recolecciones anteriores, contacto con referentes zonales a campo o recopilación de cualquier fuente de información que

pueda brindar datos de la mejor zona de recolección dentro del territorio en estudio y de las fechas de maduración de los frutos. Con esta información se planifican los viajes de recolección a fin de aprovechar el material apenas caiga del árbol, antes de que sea atacado por insectos, animales o agentes climáticos. En cuanto a la fecha de cosecha y recolección de vainas de las principales especies del género *Neltuma*, estas actividades se realizan entre los meses de noviembre y abril dependiendo de la maduración de cada especie y área geográfica. Se comienza a fines de noviembre con la cosecha de *N. alba* en el norte de Salta y oeste de Formosa. Con el transcurrir de la temporada, la maduración de los frutos de *N. alba* se va trasladando hacia el sur del área de distribución natural. La cosecha continúa con *N. flexuosa*, *N. nigra* y *N. chilensis* en enero/febrero y finaliza en marzo/abril con la cosecha de *N. caldenia*.

Tabla 1. Ejemplos de Materiales básico forestal (MBF) inscriptos en INASE.

Categoría	N.º MBF	Origen	Especie	Razón social
APS	8X5527JPr	Córdoba	*N. alba*	Univ. Nac. de Córdoba - (B.N.G.P)
APS	11G10159JP	Sgo. del Estero	*N. alba*	Cooperativa Apícola Agrícola Agronaciente Ltda
RS	9G4544JPa	Sgo. del Estero	*N. alba*	Asoc. Civil U.C.S.E. - Est. Experimental Fernández
RS	10G9329JPr	Sgo. del Estero	*N. alba*	ARCE LEANDRO
RS	2F5347JPa	Formosa	*N. alba*	Min. de la Prod. y Amb. - Subs. de RRNN Ord. y C. Amb
APS	1X5527JPr	Córdoba	*N. flexuosa*	Univ. Nac. de Córdoba - (B.N.G.P)
APS*	23H5226JPr	Chaco	*N. sp.*	Instituto De Investigaciones Forestales Y Agropecuarias
APS*	26H5226JPr	Chaco	*N. sp.*	Instituto De Investigaciones Forestales Y Agropecuarias
APS	3X5527JPr	Córdoba	*N. chilensis*	Univ. Nac. de Córdoba - (B.N.G.P)
APS	14X5527JPr	Córdoba	*N. nigra*	Univ. Nac. de Córdoba - (B.N.G.P)

*Información provista por el Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias (IIFA) de la provincia de Chaco.

Los frutos colectados son transportados al sitio donde se definirá el tratamiento a seguir según su estado y volumen de colecta. Por lo general se utilizan bolsas de arpillera para su manipulación, las cuales deben rotularse con datos de especie, fecha y lugar de recolección. Como primer paso se procede a fotografiar muestras del lote para conocer su estado inicial, y seguidamente se separan los frutos de cualquier basura o impureza que pueda haber sido recolectada con el lote. Una vez limpios, los frutos son colocados en

estufas con circulación de aire para su secado por 48 horas a una temperatura de 40 ºC, logrando así un descenso del contenido de humedad a 9 % aproximadamente (Fig. 1 A). También pueden secarse al sol si las condiciones climáticas lo permiten (se debe evitar la exposición a lluvias) extendiendo los frutos sobre lonas en el suelo, en una capa de no más de 10 cm de espesor (Fig. 1 B).



Figura 1. Secado de frutos de *N. alba* para su posterior procesamiento. A) En estufa de aire forzado y B) Secado natural en el NO de Formosa. (Fotos: Diego López Lauenstein).

Si el volumen colectado es alto, los frutos son preferentemente secados al sol. Luego de alcanzar temperatura ambiente, se colocan por al menos tres días en freezer (-18 °C) para el control de insectos que degradan las semillas (brúquidos), evitándose de este modo posibles pérdidas por daño. Una vez secas y tratadas en freezer, las chauchas se parten en trozos de 2-3 cm y se pasan por una trilladora para frutos indehiscentes. Para este propósito contamos con el desarrollo del Ing. Agr. (M. C.) Jorge Cosiansi, quien diseñó una trilladora específicamente para vainas de *Neltuma* (Cosiansi, 1992). Los frutos se cargan en la tolva, desde donde van cayendo a un triturador que continúa el proceso de rotura del material y permite el paso al cilindro I de trilla, encargado de abrir el material y propiciar la liberación de las semillas. Todo el material cae luego a un conjunto de zarandas que permite su clasificación y transporte a tres compartimentos de salida: uno para harina de algarroba, otro para los artejos[1]; y un tercer compartimento para las semillas con otras impurezas (harina y artejos). En el caso de materiales que presenten artejos y semillas más pequeñas puede utilizarse luego de este proceso la tolva para artejos y el cilindro II de trilla que cuenta con los elementos de apertura (púas) más juntas (Fig. 2).

El producto que se obtiene de la trilladora debe ser sometido a una corriente de aire con el fin de que las semillas se separen del resto de las impurezas (harinas y resto de artejos). Para este fin, se usa un ventilador de alta potencia y un plano metálico inclinado de

1. Se denomina artejo a la sección del fruto donde se desarrolla la semilla. En los frutos de Neltuma es de contextura coriácea y difícil de romper.

malla metálica sobre el que deslizan las impurezas expulsadas hacia arriba, por su bajo peso, y sobre el que resbalan y deslizan hacia abajo las semillas por poseer un mayor peso que las impurezas, no siendo el aire capaz de elevarlas. Es de destacar en este proceso la importancia de encontrar el punto exacto para cada especie en el cual se produzca la separación del material, punto que debe ser calibrado teniendo en cuenta la inclinación del plano, la potencia del ventilador y la separación del ventilador con el plano inclinado. Para el género *Neltuma* está regulada la condición mínima de pureza que debe poseer un lote para su comercialización según la Resolución 374/2014 (INASE, 2014), la cual debe ser del 80 %, valor que marca el grado de limpieza mínima que se debe realizar luego de la trilla.



Figura 2. Trilladora de frutos de algarrobo y sus componentes diseñada por el Ing. Agr. (M. C.) Jorge Cosiansi (Cosiansi, 1992).

En el Banco Nacional de Germoplasma de *Prosopis* (BNGP) de la Universidad Nacional de Córdoba, las semillas limpias son trasladadas al laboratorio donde son evaluadas para su conservación o venta. Existen dos tipos de almacenamiento según la conservación que se quiera realizar; por un lado el que se realiza por largos períodos para contar con material en caso de que se produzca una catástrofe natural, el Banco Pasivo; y por otro un almacenamiento transitorio que se realiza en el Banco Activo hasta que el material sea destinado a la producción de plantines. Para el Banco Pasivo es necesario guardar tres muestras por accesión colectada (origen y año). Por un lado, las semillas destinadas a esta colección se secan en estufa a 40 ºC durante 48 horas hasta 6 % de humedad. De la estufa son trasladadas a deshumificador hasta que se enfrían totalmente, y una vez secas y frías todas son trasvasadas a bolsas (pouches) trilaminadas (poliester + aluminio + polietileno) con capacidad de 60 g (aproximadamente 1000 semillas), selladas con

máquina selladoras de pouches (Verzino *et al.*, 2021) y rotuladas con los datos de la accesión. Una vez selladas las muestras, están en condiciones de ser incorporadas al Banco Pasivo, donde se conservan a -18 °C. Por otro lado, las semillas que tendrán como destino el Banco Activo, serán conservadas en frascos plásticos con tapa a rosca con la humedad que traigan de la trilla (menor a 9 %) a una temperatura -18 °C, en freezer. En el interior del frasco se agrega una bolsa de silica gel para la absorción de la humedad. Bajo esas condiciones, las semillas de *Neltuma* permanecen viables por más de 25 años (Verzino *et al.*, 2019). Previo a la conservación, sea cual fuere su destino, del total de semillas que llegan al laboratorio se extrae una pequeña muestra para realizar análisis de poder germinativo (PG).

7.4. Calidad botánica de la semilla

La calidad de la semilla es la sumatoria de los atributos físicos, fisiológicos, genéticos y sanitarios (Popiginis, 1977). El componente físico tiene en cuenta entre otros factores la pureza, el contenido de humedad, el tamaño seminal y el peso de 1000 semillas. La calidad fisiológica se estima a través del porcentaje de germinación o poder germinativo establecido a través de un ensayo de germinación estándar (PG), definido como "la emergencia y desarrollo de las plántulas hasta un estado donde el aspecto de sus estructuras esenciales indica la posibilidad que se desarrolle una plántula en condiciones favorables de campo" (ISTA, 2021).

El Banco Nacional de Germoplasma de *Prosopis* (BNGP), cuya existencia data desde el año 1986, lleva anualmente ensayos de germinación (ensayo de viabilidad) que siguen el protocolo establecido por Catalán y Macchiavelli (1991) y por Catalán y Balzarini (1992). Dada la similitud de las semillas de este género con las de *Robinia pseudoacacia* L. se siguen las especificaciones de esta especie señaladas por las Reglas ISTA (1978, 2019) para la evaluación de plántulas de *Neltuma* sp. en condiciones de laboratorio. Las condiciones óptimas para la germinación de *Robinia pseudoacacia* resultan también adecuadas para germinar las semillas de *Neltuma*.

Las condiciones para la germinación de las especies de este género consisten en colocarlas por 7 días en cámara de germinación con alternancia de luz y temperatura (oscuridad por 16 h con temperatura de 20 °C y luz por 8 h con temperatura de 30 °C) previa escarificación del tegumento con lija de grosor medio, hasta observar la marca del raspado sin dañar el embrión. Las reglas establecen además que los ensayos deben constar de 4 repeticiones de 100 semillas tomadas al azar de la fracción de semillas puras (ISTA, 2021), aunque se ha observado que en ensayos de rutina pueden hacerse dos repeticiones de 25 semillas que dan un valor similar al obtenido con cuatro repeticiones. De esta manera, decir que las semillas de un lote poseen un poder germinativo de 80 % significa que, de cada 100 semillas sembradas 80 llegarán a desarrollar plántulas normales bajo condiciones óptimas para la especie y en un período determinado. El BNGP almacena semillas de calidad con poder germinativo, preferentemente superior al 70 %. Los parámetros de calidad mínimos admisibles para la comercialización de semillas para especies del género (*N. alba, N. chilensis, N. hassleri, N. nigra* y *N. flexuosa*) fueron fijados por el INASE en el año

2014 a través de la Resolución N.º 314. En lo relativo al PG se exige un mínimo de 70 % y una pureza fisicobotánica del 80 %.

En el BNGP también se efectúan análisis de pureza fisicobotánica y de peso de 1000 semillas. La pureza fisicobotánica hace referencia a "las semillas de la especie que predomina en el análisis, incluyendo todas las variedades botánicas y cultivares de dicha especie y teniendo en cuenta, además, las siguientes estructuras: semillas inmaduras, de tamaño inferior al normal, arrugadas, enfermas o germinadas, siempre que puedan ser identificadas como pertenecientes a la especie predominante" (ISTA, 2021). Se determina a través del análisis de pureza, cuyo resultado se expresa como porcentaje de semilla pura.

El peso de la semilla puede ser estimado por medio de la determinación denominada peso de 1.000 semillas (P.1000). Este valor, a su vez, permite inferir el tamaño relativo de estas. Las reglas ISTA (1976, 2021) indican que es necesario separar de cada lote de semillas ocho lotes (repeticiones) de 100 semillas tomadas al azar. El resultado si el CV es menor al 4 % para cada lote se lleva a valores de 1.000 semillas y se expresa como peso de 1.000 semillas en gramos, estimado a partir del promedio de las ocho repeticiones de 100 semillas.

En cuanto al número semillas/kg, la Resolución N.º 314 de INASE (2014) señala una variación para cada especie: *N alba* (25.000-42.000), *N. chilensis* (25.000-45.000), *N. hassleri* (25.000-45.000), *N. nigra* (28.500-43.500) y para *N. flexuosa* (16.000 - 27.000). También especifica que cuando se comercialice semilla con valores inferiores a los establecidos, se deberá indicar en el rótulo la leyenda ''semilla con germinación o pureza físico-botánica (según corresponda) inferior a la tolerancia establecida" (Res. INASE 374/2014).

7.4.1. Semillas preinoculadas

Las asociaciones simbióticas de especies de *Neltuma* con microorganismos benéficos de la rizósfera, tales como rizobacterias y micorrizas, promueven el crecimiento, la adaptación y la tolerancia frente a condiciones ambientales desfavorables (capítulo 4). No obstante, y si bien existen reportes de estos aislamientos y su caracterización tanto en vida libre como en simbiosis (Chávez Díaz *et al.*, 2013; Salto *et al.*, 2019), su incorporación como inoculantes o bioestimulantes en la producción de plantines forestales de *Neltuma* no es una práctica habitual, y por lo tanto debería promoverse.

Montoya *et al.* (2021) desarrollaron una formulación acuosa a base de compuestos naturales y de grado alimenticio, como almidón de mandioca, proteínas y glicerol que, constituidos por temperatura, conforman una mezcla biopolimérica elástica para ser aplicada como una película de recubrimiento a semillas. Esta formulación fue modificada a fin de ser empleada sobre semillas de *Neltuma alba* para vehiculizar rizobacterias capaces de establecer simbiosis y promover la fijación biológica de N_2 (FBN) en los nódulos desarrollados en raíces.

Para obtener las semillas recubiertas y preinoculadas, las rizobacterias son crecidas en medio líquido LMA (Vincent, 1970) (capítulo 4). La suspensión se mezcla a temperatura ambiente con el biopolímero al que se adiciona un colorante de grado alimenticio para verificar la homogeneidad de la distribución de la película sobre las semillas. Usando una paila rotativa a 25 r.p.m., se aplican 30 ml de biopolímero/kg de semillas. Aplicado el recubrimiento, las semillas se mantienen aproximadamente 10 min a temperatura ambiente

hasta su secado al tacto. Previo a la aplicación de biopolímero con las rizobacterias, las semillas se escarifican con lija de grosor medio para garantizar la germinación (Fig. 3). Las semillas escarificadas, recubiertas e inoculadas se siembran directamente en el sustrato, por lo que no hace falta ponerlas en agua durante 24 h para pregerminarlas. De esta forma se logra germinaciones superiores al 90 %.



Figura 3. Proceso de obtención de semillas preinoculadas de *N. alba*. A) Escarificación mecánica. B) Adición de colorante al biopolímero inoculado con rizobacterias. C) Aplicación de biopolímero en paila rotativa. D) Semillas recubiertas preinoculadas.

7.5. Calidad genética

La calidad genética de las semillas es uno de los factores que más incide en el desempeño de las forestaciones. En consecuencia, para mejorar la productividad forestal es necesario lograr materiales genéticos que contengan la mejor combinación de genes para satisfacer la demanda de los programas de forestación y reforestación en el establecimiento de bosques productivos (López, 2005).

El inicio de cualquier programa de mejoramiento genético requiere el conocimiento previo de la magnitud y distribución de la variación genética disponible en las características de interés. La variación natural puede reconocerse a diferentes niveles. La variación más empleada en los programas de mejoramiento genético es la que existe entre poblaciones de diferentes procedencias y entre individuos dentro de una población. El primer nivel de

variación (interpoblacional) generalmente tiene su mayor contribución en las características de importancia adaptativa, mientras que el segundo nivel (intrapoblacional) es más útil en características de interés económico, como velocidad de crecimiento, rectitud de fuste o características de la madera (Sotolongo *et al*., 2012). Sin embargo, también pueden encontrarse poblaciones o procedencias que en la media tienen mayores tasas de crecimiento o calidad de fuste. Esto puede observarse y evaluarse mediante ensayos de orígenes y progenies, o sea plantaciones experimentales en las que se hallan representadas distintas poblaciones y distintas cohortes familiares dentro de cada población.

El estudio y el conocimiento de la variación genética constituyen la materia prima del mejoramiento genético. Generalmente las poblaciones naturales de la especie de interés constituyen la población inicial de los programas de mejoramiento genético. Esta variación genética está compuesta por componentes aditivos y no aditivos. En genética cuantitativa, los componentes aditivos de la variación se refieren al efecto promedio del conjunto de alelos que participan en la determinación de un carácter cuantitativo (ej. altura, diámetro a la altura del pecho, producción de frutos, etc.). En general, la distribución fenotípica de estos caracteres es continua y normal. En tanto que los componentes no aditivos se refieren a los efectos de interacción alélica dentro y entre loci (dominancia y epistasis).

Desde el punto de vista de mejoramiento genético, el componente aditivo transferido a las siguientes generaciones vía sexual, es el más importante, pues es el de mayor magnitud en la mayoría de las características cuantitativas económicas en las especies forestales, y es la principal causa del parecido entre padres e hijos, o entre hermanos (grado de heredabilidad) (Falconer y Mackay, 1996). Sin embargo, el componente no aditivo puede ser también de gran importancia. Para capturar este componente de la varianza se requiere mantener intactas las combinaciones alélicas intra- e interloci, para lo cual se necesita de la propagación vegetativa (capítulo 8).

Actualmente los materiales de propagación de las diferentes especies de *Neltuma* que se cultivan en el país tienen diferentes grados de mejoramiento o identificación. *N. alba* es la especie más productiva y de mayor distribución geográfica en el país, lo que ha llevado a que sea también la de mayor superficie plantada. Le siguen *N. chilensis* y *N. flexuosa* que se han plantado principalmente en el Chaco Árido. Al ser *N. alba* la especie más productiva entre los *Neltuma*, ha sido la que ha alcanzado un mayor grado de mejoramiento genético.

El objetivo del mejoramiento genético de especies de *Neltuma* se ha relacionado principalmente con la producción de madera. Los rasgos de crecimiento (altura y diámetro total) así como la forma del tronco y fuste aprovechable han sido el foco de mejora (López, 2005; Bessega *et al*., 2009, 2011; Verga *et al*., 2009; Carrera *et al*., 2016). Sin embargo, los objetivos del mejoramiento genético de las especies de este género pueden ser diversos. Además del rendimiento en volumen de madera aserrable, los objetivos pueden ser aumentar la calidad de la madera, o la producción o calidad de frutos, o la resistencia a plagas y enfermedades, o la mejora de la capacidad de adaptación a ambientes marginales (ej. secos), o de la aptitud para la recuperación de suelos degradados (ej. salinizados), entre otros. Los programas de mejora pueden contemplar uno o varios de los objetivos citados, y en todos los casos deben tener como premisa mantener una amplia diversidad genética para garantizar que las ganancias genéticas no disminuyan a medida que avanza el programa de mejora, inclusive en generaciones avanzadas (López Lauenstein *et al*., 2021).

7.5.1. Ordenación del recurso genético

Una de las características más importantes del género que condiciona todo el proceso de la elección del material de propagación y el mejoramiento genético es la capacidad de hibridación e introgresión que tienen las especies de *Neltuma* (Saidman *et al.*, 2000). Las especies que superponen sus nichos o áreas de distribución geográfica y no existen barreras claras de aislamiento reproductivo forman un complejo homogamético o singameón. Esto es un grupo de especies que hibridan y actúan como una especie biológica, reproductivamente aislado de otros grupos similares (Grant, 1981; Verga, 1995). Este proceso genera una alta diversidad en múltiples puntos de contacto y da lugar a enjambres híbridos (Hunziker *et al*., 1986; Saidman *et al.*, 2000). Estas áreas son a menudo sitios activos de cambios evolutivos en los que la hibridación y la introgresión pueden conducir a aumentos en la diversidad genética intraespecífica, transferencia de adaptaciones genéticas e incluso la aparición de nuevos ecotipos o especies (Petit *et al.*, 1999). Además, la existencia de hibridación interespecífica se acepta como el principal mecanismo para generar novedades evolutivas en el reino vegetal (Rieseberg, 1995, 1997; Arnold, 1997; Rieseberg y Carney, 1998). Esta alta diversidad genética resultante de los procesos de hibridación, le confiere al complejo homogamético una gran capacidad de adaptación a diferentes condiciones ambientales. Sin embargo, para los programas de mejoramiento genético pueden ser una complicación o dificultad a la hora de generar materiales de propagación homogéneos y estables que no generen segregación en generaciones posteriores. Conocer estos procesos y características del género es indispensable para la identificación de unidades de manejo y conservación.

El intercambio genético entre especies de algarrobo se produce principalmente entre especies "blancas" y "negras" (dados por el color de sus frutos), ya que en general sus distribuciones naturales son simpátricas. Son comunes los enjambres híbridos entre *N. chilensis* (blanco) y *N. flexuosa* (negro) en el Chaco árido y Monte, entre *N. alba* (blanco) y *N. nigra* (negro), y también entre *N. alba* y *N. ruscifolia* (negro) en el Parque Chaqueño Semiárido y Subhúmedo, y en el Espinal. Las áreas donde coexisten algarrobos blancos de distinta especie son acotadas a zonas de contacto entre sus distribuciones prácticamente alopátricas. En el sudoeste de Santiago del Estero y noroeste de Córdoba, también en el Valle de Catamarca, existen zonas acotadas donde entran en contacto *N. chilensis* y *N. alba*; y en el este de Formosa se hallan áreas de contacto entre *N. alba* y *N. hassleri* (ver cap. 2). En ambas zonas participan de los enjambres, además, alguna o varias de las especies de algarrobos negros. Excluyendo estas zonas particulares, el resto del Parque Chaqueño, el Monte y el Espinal se caracterizan por presentar enjambres híbridos de *Neltuma* únicamente entre especies "blancas" y "negras" (Verga, 2013).

En Argentina, diversas instituciones han realizado muestreos y colectas de las distintas especies del género abarcando diferentes ecorregiones. Este material ha servido para numerosos estudios genéticos poblacionales para caracterización morfológica y genética de especies, híbridos y poblaciones, y también son el material base para los programas de mejoramiento genético. En este sentido, el INTA conjuntamente con el Banco de Germoplasma de *Prosopis* y universidades nacionales ha realizado uno de los muestreos más abarcativos tanto por su extensión geográfica como por el número de accesiones y espe-

cies muestreadas (Fig. 4). Entre 2001 y 2007 se colectaron muestras de 997 individuos de *Neltuma*, de los cuales aproximadamente el 50 % fue *N. alba*. De cada individuo (punto amarillo) se tomaron muestras de hojas y frutos para herborizar, se obtuvo su geoposición (GPS), se le realizaron mediciones dendrométricas y se caracterizó el sitio en el que se ubicaba (Verga *et al.*, 2009).

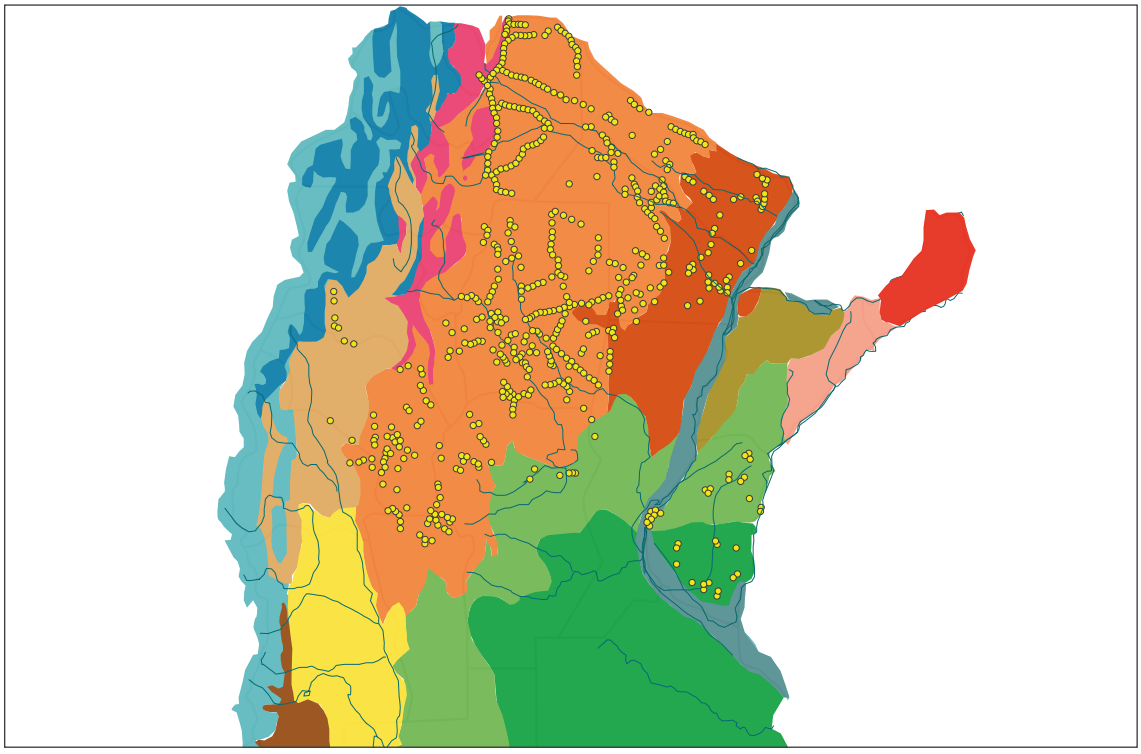


Figura 4. Distribución geográfica de los árboles que conforman el material base del programa de mejoramiento.

A partir de la caracterización morfológica de hojas y frutos y teniendo en cuenta la ubicación geográfica de cada árbol muestreado, Verga *et al.* (2009) pudieron identificar tres grupos morfológicos de *Neltuma alba* a los que denominaron: *N. alba* "santiagueño", *N. alba* "chaqueño norte" y *N. alba* "chaqueño sur". En posteriores campañas de muestreo se fue ampliando la base de datos y se identificaron dos morfotipos adicionales: *N. alba* "Salta Norte" y *N. alba* "Espinal" (Verga, 2013). Estas caracterizaciones e identificación de grupos morfológicos permiten delimitar unidades taxonómicas, lo que posibilita definir cuál es la mejor estrategia para tener en cuenta para el mejoramiento genético y la conservación dinámica de cada morfotipo en particular o la especie en general (López Lauenstein *et al*., 2016).

7.5.2. Rodales semilleros

Los planes de forestación con algarrobo requieren disponer de un gran volumen de semillas. Para proveer esa demanda a corto y mediano plazo se realizan recolecciones de frutos provenientes del bosque nativo. Sin embargo, si las recolecciones no tienen en cuenta los cruzamientos interespecíficos que se producen entre las especies de *Neltuma*, las semillas cosechadas de poblaciones naturales pueden dar lugar a plantaciones con gran heterogeneidad, tanto de crecimiento en diámetro del tronco y altura como de caracteres morfológicos de hoja. Al ser especies silvestres o con muy bajo nivel de domesticación, la diversidad constituye una ventaja para el mejoramiento puesto que ofrece un amplio espectro de donde seleccionar, pero, al mismo tiempo, obliga a que el proceso de mejora reduzca la variabilidad en forma considerable para que las plantaciones sean suficientemente homogéneas para facilitar el manejo productivo, y que las características deseadas se mantengan en las próximas generaciones.

Ante la alarmante pérdida de bosques acaecida en Argentina durante los últimos 35 años, estimada en 12 millones de hectáreas en la región chaqueña (Spensley *et al.*, 2013), sumada al riesgo de pérdida de biodiversidad por el cambio climático, se requiere un estudio específico para identificar y delimitar áreas productoras de semillas (APS) para cada especie por separado, para su posterior transformación en rodales semilleros (RS). Mediante estas acciones se pretende preservar la variabilidad existente y obtener material base con mayor uniformidad genética y pureza específica, evitando la hibridación interespecífica del género (Verga, 2013). De esta forma, se estaría dando respuesta a las sugerencias de la FAO (2014) para mejorar el uso sostenible y la gestión de los Recursos Genéticos Forestales (Joseau *et al.*, 2021). Existen aun rodales de buena pureza y calidad silvícola de las especies de *Neltuma* que, mediante manejo, pueden ser utilizados en el corto plazo como rodales semilleros (López Lauenstein *et al*., 2021).

Los conocimientos genéticos y ecofisiológicos obtenidos sobre *N. chilensis, N. flexuosa* y *N. alba* constituyen la base conceptual para avanzar hacia la implementación de rodales semilleros. El objetivo de la mejora genética de baja intensidad a corto y mediano plazo en el género *Neltuma* es asegurar la semilla necesaria para la producción de los plantines requeridos, y que esos plantines tengan una alta pureza específica y se comporten de la manera más uniforme posible (López Lauenstein *et al.*, 2021).

En este contexto, el Instituto Nacional de Semillas (INASE) estableció las normas para la Certificación de Rodales Semilleros mediante la Resolución 374/14, tomando el protocolo propuesto por Verga (2013). El procedimiento de certificación de RS parte de áreas productoras de semillas (APS), y mediante un análisis de la morfología foliar de todos los individuos de *Neltuma* presentes, sumado a un análisis de la descendencia (semillas) a través de marcadores bioquímicos (isoenzimas), se identifican los individuos híbridos (no puros) que podrían polinizar a la especie objetivo. En dicha resolución se establecen umbrales para la certificación de los Rodales Semilleros (RS), y de no alcanzar los valores requeridos, se sugiere realizar un raleo genético en función de la clasificación de cada uno de los individuos involucrados y de su entorno (o sea la extracción de los individuos híbridos o de especies distintas a la especie objetivo, pero con capacidad de hibridizar con ella). Estos dos métodos (análisis morfológico y marcadores isoenzimáticos) son relativamente sencillos y de bajo costo en su implementación.

El análisis morfológico se realiza con 5 hojas adultas por árbol las cuales se digitalizan (foto o escáner) (Fig. 5) y luego mediante un software específico (Hoja 3.4, Verga, 2015) se cuantifican los siguientes 13 caracteres morfológicos:

- Lpe: longitud del pecíolo (cm).
- Npi: número de pares de pinas.
- Lpi: longitud de la pina (cm).
- Nfol: número de pares de foliólulos por pina.
- Difol: distancia entre foliólulos. Se calcula mediante: LPI/NFOL
- Lfol: longitud del foliólulo (cm).
- Afol: ancho del foliólulo (cm).
- L-Afol: relación longitud/ancho de foliólulo. Se calcula dividiendo LFOL/AFOL
- ArFol: área del foliólulo (cm^2).
- Ap-Tot: Relación área del ápice del foliólulo (1/3 del largo de foliólulo)/área total del foliólulo.
- ArTot: índice de área total de la hoja. Se calcula mediante: ArFol x 2 x Nfol x 2 x Npi
- L-Difol: relación entre el largo de foliólulo y la distancia entre foliólulos (Lfol/Difol).
- Difol-A: relación entre la distancia entre foliólulos y el ancho del foliólulo (Difol/Afol).

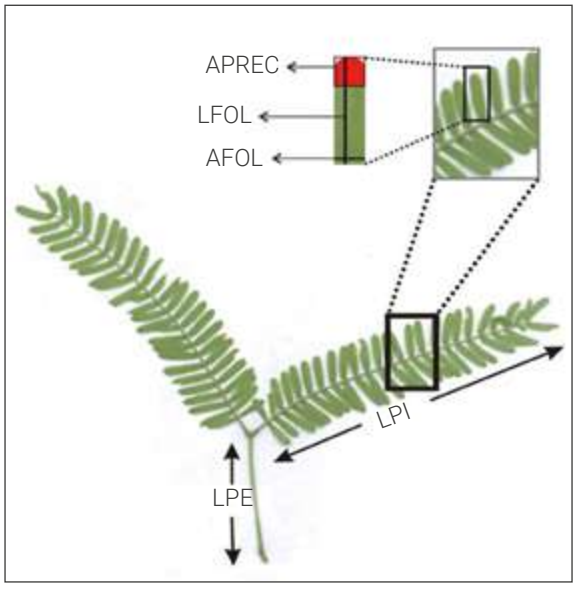


Figura 5. Caracteres morfológicos foliares evaluados en las poblaciones de *N. alba*. (Tomado de Vega, 2020).

A partir de los 13 caracteres morfológicos de hojas se realiza un análisis multivariado de componentes principales utilizando como unidad de análisis cada árbol muestreado. Se incluyen los árboles tipo de los grupos morfológicos de *N. alba* detallados por Verga (2009) para identificar a qué grupo morfológico pertenecen los individuos del rodal analizado y también si la población en cuestión es un enjambre híbrido (Verga, 2014).

El análisis isoenzimático permite determinar, a partir de una muestra de semillas de un rodal, qué proporción proviene de cruzamientos interespecíficos entre los grupos de algarrobos blancos: *N. alba, N. chilensis, N. hassleri* y *N. fiebrigii*; y algarrobos negros: *N. nigra* y *N. flexuosa*, y *N. ruscifolia* (Verga, 2013). La enzima alcohol deshidrogenasa (ADH) pre-

senta en el género *Neltuma* dos loci (Saidman, 1986) (Fig. 6). El locus de mayor velocidad de migración en una electroforesis sobre gel de almidón, registrado con la letra A, posee tres alelos identificados por su velocidad decreciente de migración con los números 1, 2 y 3. Este sistema enzimático tiene la particularidad de que el alelo ADH-A-2 está prácticamente fijado en los algarrobos negros, mientras que en los blancos es el alelo ADH-A-3 el que presenta frecuencias cercanas a 1. Esta particularidad fue hallada por Saidman (1986) para *Neltuma alba* (ADH-A-33) y *N. ruscifolia* (ADH-A-22); para *Neltuma chilensis* (ADH-A-33) y *N. flexuosa* (ADH-A-22) por Verga (1995) y para *N. nigra* (ADH-A-22) por Joseau y Verga (2005).

Para que un rodal sea apto para la certificación, no debe encontrarse más de un 10 % de semillas con los dos alelos (individuos híbridos), o más de un 1 % de semillas con el alelo de algarrobo negro (Res 374/14, INASE), en caso de que el rodal que se quiera certificar sea de algarrobo blanco, o viceversa.

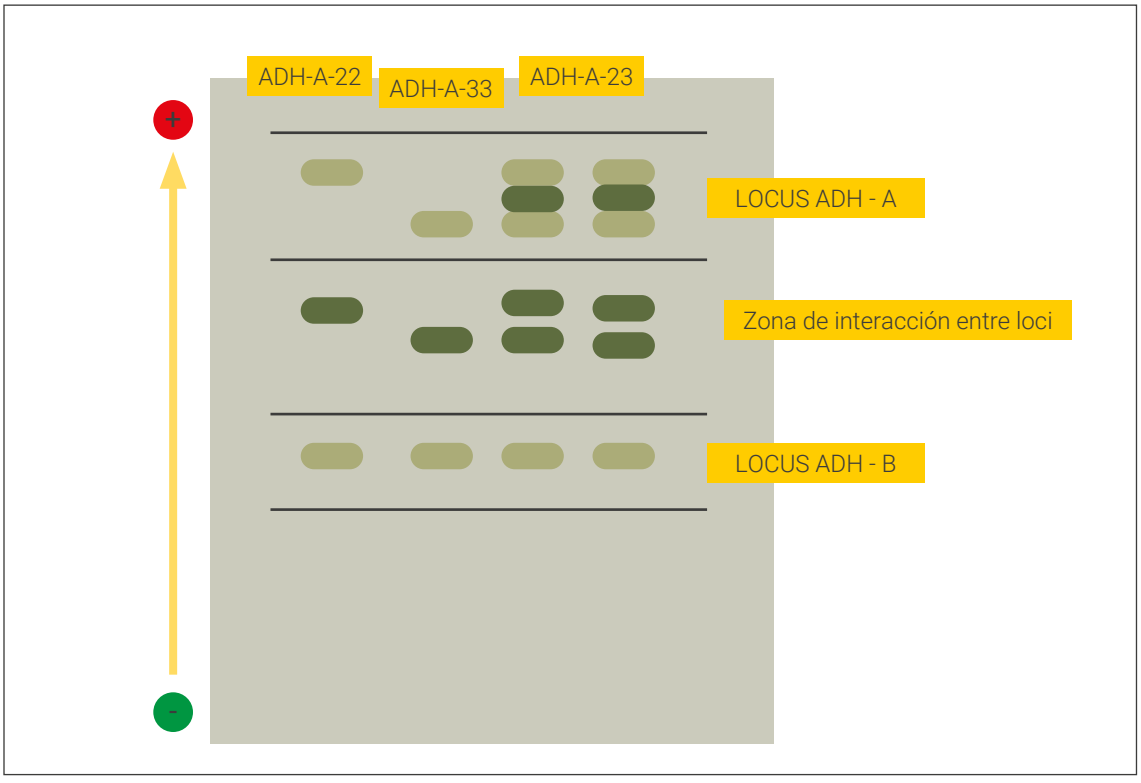


Figura 6. Zimograma de la enzima alcohol deshidrogenasa (ADH). Cada "calle" en sentido vertical, representa la distribución de bandas de un individuo obtenida a partir de una semilla o parte de una planta. (Tomado de Verga, 2013).

En la Fig. 7 se muestran las áreas productoras de semillas y los rodales semilleros inscriptos y en proceso de inscripción a INASE correspondiente a *Neltuma alba, N. chilensis, N. chilensis x N. flexuosa, N. flexuosa, N. nigra* y *N.* sp. en Argentina.

La producción de semillas de algarrobo está sujeta a variaciones cíclicas, es decir, no hay disponibilidad de semillas todos los años. Las condiciones meteorológicas en el mo-

mento de la floración determinan el éxito o no de la fructificación. Por esta razón, es importante prever este suceso para poder abastecerse de semillas periódicamente para la producción de plantines. El Banco Nacional de Germoplasma de *Prosopis* (BNGP) de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Nacional de Córdoba actualmente conserva en su banco base 1.650 accesiones almacenadas a -18 °C, correspondientes a 1.106 árboles o rodales cosechados. Actualmente, además, ha identificado e inscripto en INASE 24 APS y 2 RS. Otras colecciones de conservación *ex situ* (conservación fuera de su hábitat natural) las constituyen los jardines botánicos y los ensayos a campo como ensayos de orígenes y progenies, como los citados por Verzino *et al.* (2019), López Lauenstein *et al.* (2016) y Capello (2019), en donde el BNGP ha tenido en mayor o menor medida participación (Joseau *et al.*, 2021).

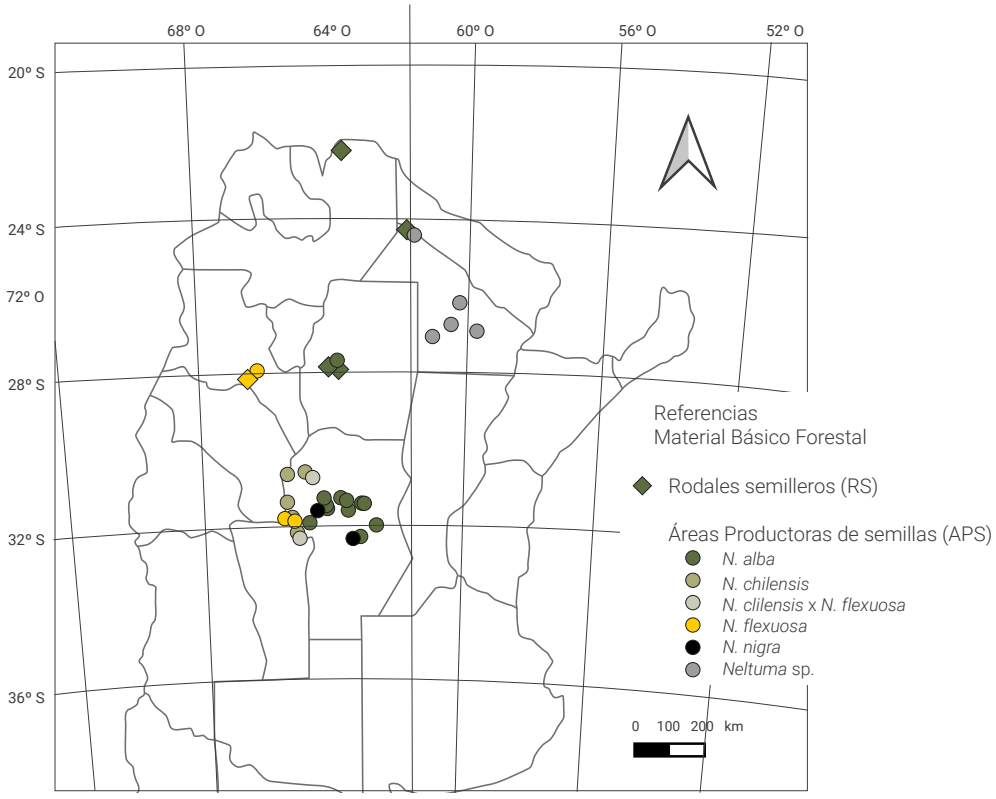


Figura 7. Rodales Semilleros (RS) y Áreas Productoras de Semillas (APS) correspondientes a *Neltuma alba, N. chilensis, N. chilensis x N. flexuosa, N. flexuosa, N. nigra* y *N.* sp. en Argentina. Datos provistos por el Banco Nacional de Germoplasma de *Prosopis* (BNGP – UNC) y por el Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias (IIFA) de la provincia de Chaco.

Para evaluar la adaptación de los rodales semilleros ya mencionados, en 2011 se instaló una red de ensayos de orígenes en tres sitios diferentes de la región chaqueña semiárida que representan tres condiciones hídricas contrastantes (Laguna Yema, Formosa; Leales, Tucumán y Fernandez, Santiago del Estero). Se probaron siete orígenes de *Neltuma alba* de diferentes rodales semilleros distribuidos en el Parque Chaqueño, dos selecciones de *N. alba* basadas en la evaluación de tres ensayos de progenies y una selección de *N. chi-*

lensis del Chaco Árido (López Lauenstein *et al.*, 2019). Se midieron periódicamente variables de crecimiento como altura total (H) y diámetro a la altura del pecho (DAP). Los principales resultados mostraron diferencias significativas entre procedencias tanto en DAP como en crecimiento en altura. En este sentido, el origen N.° 1 *Neltuma alba* "Campo Durán" presentó el mayor incremento medio anual (IMA) de 2,5 cm de DAP y 1,25 m de H (López Lauenstein *et al*., 2019), destacándose principalmente en Leales (12,1 cm DAP y 6,24 m de altura a los 7 años) y Laguna Yema (12,62 cm DAP y 6,04 m de altura a los 5 años). La selección de *N. alba* de los ensayos de progenie y la selección de individuos del rodal natural de *N. chilensis* sirvieron como referencia para las procedencias naturales de *N. alba*.

7.5.3. Avances en el mejoramiento genético en Argentina

Los ensayos de progenie son una herramienta fundamental de los programas de mejoramiento forestal (Zobel y Talbert, 1984). Consisten en plantar en un ambiente común un grupo de árboles de los que se conoce la relación familiar, lo que permite realizar estimaciones de la varianza genética aditiva de variables de interés productivo o adaptativo y estimar su heredabilidad (Bessega *et al.*, 2022). El análisis de datos obtenidos en ensayos de progenies y procedencias utilizando modelos lineales mixtos posibilita hacer una evaluación genética profunda al estimar los mejores predictores lineales insesgados (BLUP) de cada familia o de cada individuo. Así, es posible confeccionar rankings familiares o individuales que serán de gran utilidad para establecer estrategias selectivas. Posteriormente estos ensayos de progenies pueden ser raleados de acuerdo a los rankings determinados (ej. *forward selection*) y transformarse en huertos semilleros (Ruotsalainen y Lindgren, 1997). La estrategia de selección para los programas de mejoramiento depende fundamentalmente del rasgo para mejorar, y debe considerar información referida a la variación genética y su distribución, siendo importante considerar la procedencia, la familia y el individuo.

Verga (2005) y López (2005) propusieron una estrategia de mejoramiento genético para las distintas especies del género *Neltuma* basada en una adecuación del método de las "poblaciones múltiples" propuesto por Namkoong (1989), donde se combinan el mejoramiento genético y la conservación de los recursos genéticos. Este método consiste en la creación de una población base generada a partir de progenies de individuos de las poblaciones naturales. Cada población base (ensayos de progenies) está constituida por subpoblaciones aisladas entre sí y ubicadas en distintos ambientes. Estas subpoblaciones se utilizan como ensayos de progenies y posteriormente, luego de la evaluación y selección, como huerto semillero. De esta forma se induce una mejora sobre cada subpoblación, y al mismo tiempo un proceso de diferenciación entre estas (por adaptación a los distintos ambientes de ensayo), dando así la posibilidad en el futuro de recuperar variabilidad genética en rodales surgidos de la mezcla de semillas de las distintas subpoblaciones (López Lauenstein *et al.*, 2021).

Neltuma alba

Actualmente, el programa de mejoramiento genético de *Neltuma alba* cuenta con una serie de ensayos de progenies que se han instalado en el marco de diferentes proyectos.

El primero se instaló en el año 1990 en Santiago del Estero y cuenta con 57 familias de polinización abierta colectadas en 8 procedencias del noroeste argentino (Felker *et al.*, 2001; López *et al.*, 2001). Posteriormente, el INTA conjuntamente con la Universidad Nacional de Santiago del Estero instaló en el año 2008 una red de tres ensayos de progenies ubicados en Santiago del Estero, Chaco y Formosa (Red INTA). Estos ensayos incluyen a 217 familias de polinización abierta pertenecientes a 10 procedencias que abarcan gran parte de la distribución natural de la especie en Argentina, incluyendo la región chaqueña y el Espinal (López Lauenstein *et al.*, 2016). Esta población base proviene de semillas recolectadas durante sucesivas campañas de cosecha realizadas entre 2004 y 2007 (Verga, 2009) de individuos seleccionados fenotípicamente (árboles madre) en poblaciones naturales (Fig. 4). Por último, en el año 2018 se instaló un ensayo de progenies de *N. alba* solo con familias de la procedencia Campo Durán perteneciente al grupo morfológico Salta Norte según la denominación de Verga (2013). Este ensayo cuenta con 45 familias de polinización abierta y tiene la particularidad de que en su diseño están identificadas las semillas provenientes de una misma vaina. De acuerdo a un estudio indirecto del sistema de fecundación de *N. alba*, Bessega *et al.* (2016) describieron que la proporción de hermanos completos dentro de las plantas madre varió del 64 % para semillas procedentes de la misma vaina al 10 % para semillas de diferentes vainas. De acuerdo con esto, el diseño de este último ensayo, considerando el origen de cada una de las semillas utilizadas a nivel de vaina, brindará un factor más de anidación y así aumentará la precisión en la estimación de los valores de mejora, tanto a nivel individual como a nivel familiar.

La selección para el rendimiento de madera requiere mejorar características como la arquitectura del árbol, la forma del tallo, el diámetro del tallo y la altura del tronco utilizable. Después de que se establecieron los ensayos de progenies de la Red INTA en 2008, se evaluó el crecimiento temprano de las familias y la forma del árbol a los 18 meses de edad. Estos estudios reportaron una interacción significativa entre el origen y el ambiente en diámetro y altura total, y una correlación negativa entre la forma del árbol y los dos rasgos de crecimiento (Salto, 2011). Este hecho representa una limitación para el programa de mejoramiento, ya que los árboles seleccionados para un crecimiento rápido mostrarían una baja calidad en términos de forma de árbol. Para superar esta limitación, Carreras *et al.* (2017) evaluaron parámetros genéticos para varias características de importancia económica en *N. alba*, incluida la forma del árbol (número de tallos), la altura y el diámetro del tronco; utilizando un enfoque de selección de características múltiples basado en un índice de selección, con el objetivo de obtener la máxima ganancia posible en todos los rasgos simultáneamente. Bessega *et al.* (2015) propusieron una estrategia de mejoramiento para la selección de múltiples rasgos teniendo en cuenta la heredabilidad de los rasgos individuales, las correlaciones genéticas entre ellos y el aumento que ocurre en el nivel de parentesco del grupo seleccionado inherente al proceso de selección. Se propuso que la selección simultánea de dos rasgos utilizando un índice de selección podría producir una ganancia cercana al 6 % de altura y 2 % de diámetro. Este es un tema importante en el mejoramiento ya que es relevante preservar una amplia diversidad genética para prevenir la depresión por endogamia en las siguientes generaciones (Lindgren y Mullin, 1997). Carreras *et al.* (2016), por su parte, informaron que, aunque la ganancia en los niveles de rasgos individuales se reduce en comparación con el máximo potencial,

la selección basada en un índice permite ganancias significativas para tres rasgos y representa una estrategia adecuada para mejorar los rodales de *N. alba* a fin de establecer huertos semilleros clonales. También se encontró una alta correlación positiva para todas las variables estudiadas entre las mediciones a los 18 meses y a los 6 años de edad (Cisneros *et al.*, 2019). Este resultado tiene una gran implicancia, ya que se pueden realizar selecciones tempranas con alta confianza.

Además, el uso de información provista por marcadores moleculares puede contribuir a reducir los tiempos en los programas de mejoramiento genético y maximizar la ganancia que se obtiene (Bessega *et al.*, 2015). Así, los resultados obtenidos en *N. alba* sugieren que las estimaciones de parentesco basadas en datos moleculares y predicciones de valor reproductivo (*breeding value*) utilizado para la selección de árboles élite en poblaciones naturales contribuyen a mejorar las propiedades genéticas de la población fundadora de los ensayos para instalar. Controlar el parentesco permite reducir el tamaño de muestra para seleccionar por origen, sin un aumento significativo de la endogamia o pérdida de ganancia genética.

Los ensayos de progenies de la Red INTA también se utilizaron para estudios fenológicos, donde se analizaron el crecimiento y adaptación en términos de brotación. Estos estudios permitieron conocer la relación entre la variabilidad climática y el comportamiento de las plantas, es decir, los posibles efectos que en ellas puedan provocar las modificaciones actuales y futuras del clima (Spano *et al.*, 1999). En *N. alba* se identificaron cuatro estrategias de brotación que surgen de la combinación de tres grupos de brotación y dos grupos de velocidad de brotación. Sin embargo, las condicionantes de estos grupos son las variables climáticas de temperatura media anual y temperatura del mes más frío. De esta clasificación se evidenció la existencia de una estructura espacial de las familias de polinización abierta diferencial, tanto para los grupos de brotación (temprana, intermedia y tardía) como para los grupos de velocidad media de crecimiento de los brotes (rápida y lenta) (Frassoni *et al.*, 2021).

La primera medición del ensayo de progenie de *N. alba* origen Durán instalado en el año 2018 en el INTA Sáenz Peña, Chaco, se realizó en el 2019. Se midieron los parámetros diámetro a la altura del pecho (DAP) y altura. Los resultados muestran una gran dispersión de datos (Tabla 2), principalmente en DAP. La media del diámetro a la base en todo el ensayo fue de 3,32 cm, observándose también individuos que superan los 8 cm. En cuanto altura, la media fue de 2,78 m, y algunos árboles superan los 5 metros.

Tabla 2. Medidas resumen ensayo de progenie de *N. alba* origen Campo Durán. DAP: diámetro a la altura de pecho. HT: altura total. Medición septiembre 2021.

Variable	Media	D.E.	CV	Mín.	Máx.
DAP (cm)	3,32	1,55	46,7	0,4	8,2
HT (m)	2,78	0,76	27,23	1	5,5

Para el análisis de los datos se utilizó un Modelo Lineal Mixto a través de la función *Lmer* del paquete *Lme4*. El análisis de los datos bajo un modelo sin considerar la identidad de los plantines que provienen de la misma chaucha, la heredabilidad en sentido estricto (h^2) para DAP fue 0,0071; mientras que la h^2 de la altura fue prácticamente cero. En tanto que, si se considera en el modelo este dato (plantines provenientes de la misma chaucha), las heredabilidades aumentaron, la h^2 del DAP fue 0,0122, y la h^2 de la altura fue 0,159. Por consiguiente, al aumentar la heredabilidad, también se incrementará la ganancia genética a partir de la selección de las mejores familias.

Neltuma flexuosa y N. chilensis

Con respecto a *Neltuma flexuosa* y *N. chilensis*, en 1991 se ha iniciado un programa de mejoramiento genético y conservación en estas especies mediante el establecimiento de dos ensayos de progenies y procedencias en El Sauce, Mendoza, (Cony 1993, 1997). El objetivo principal de este programa es evaluar y conservar la variación genética de especies nativas de algarrobo para forestar y reforestar zonas con distintas características ambientales del Monte y con variados objetivos, como producción de madera, producción de frutos, restauración de ambientes degradados, incorporación a la producción de ambientes salinos, etc. Este programa incluye el estudio de la estructura y del potencial productivo de los bosques de *N. flexuosa* y *N. chilensis* en todo el gradiente latitudinal de su distribución, la evaluación de la variabilidad genética en un ambiente común y el estudio de aspectos fisiológicos relacionados con la adaptación a distintas situaciones ambientales.

El ensayo de progenies y procedencias de *N. flexuosa* fue realizado incluyendo 86 familias de polinización abierta representando 14 procedencias correspondientes a la ecorregión del Monte. Las familias se instalaron en un diseño de bloques completamente aleatorizados con 5 repeticiones (bloques) y 3 árboles por parcela. El espaciamiento de la prueba fue de 4 x 4 m y se utilizó como barrera una fila adicional de árboles rodeando el ensayo (Cony, 1996). La plantación tiene en este momento 22 años de edad, ha tenido cuidados periódicos, ha sufrido un incendio parcial que afectó una parte y ha sido estudiada desde entonces por numerosos investigadores.

En los últimos años, sobre esta plantación se han desarrollado estudios que utilizan marcadores moleculares como los ISSR (*inter simple sequence repeat)* y los microsatélites (SSR) (Darquier *et al.*, 2013; Bessega *et al.*, 2019) y se suman a los estudios morfológicos previos (Cony, 1996; Mantován, 2002; Vandemoortele, 2008). Darquier *et al.* (2013) realizaron mediciones cuantitativas y evaluaron marcadores moleculares en individuos pertenecientes a las 14 procedencias crecidas en el ensayo de El Sauce. Realizaron mediciones de 2 caracteres dendrométricos (altura y diámetro a la base), largo de las espinas y 10 rasgos foliares en 400 individuos pertenecientes a las 86 familias. Asimismo, evaluaron 70 loci ISSR en 257 individuos representando 60 familias. Mediante la comparación de los resultados basados en los ISSR (marcadores neutros) y los rasgos cuantitativos, los autores señalan que diferentes regímenes selectivos actuarían sobre los diferentes rasgos y que la selección favorecería diferentes óptimos en cada sitio de muestreo. Además, los resultados indicaron que la selección hacia diferentes óptimos es mucho más fuerte en-

tre las procedencias que dentro de las procedencias. Estos resultados ayudan a explicar las posibles causas de la variación regional observada en *N. flexuosa* y contribuyen en la definición de las unidades de manejo y las unidades evolutivamente significativas para esta especie.

Recientemente, la restauración de ecosistemas ha ido ganando interés con el objetivo de mitigar los efectos del cambio climático y revertir la pérdida de biodiversidad y la desertificación. Dado que la composición genética del material reproductivo para revegetar áreas degradadas afecta el éxito de la restauración, resulta muy relevante obtener información sobre las propiedades genéticas de posibles fuentes de semillas para evaluar los riesgos asociados a las prácticas de gestión. En este sentido, con el objetivo de proponer recomendaciones de restauración para el uso de *N. flexuosa* para la recuperación rápida de la cubierta vegetal en regiones áridas del desierto del Monte, Bessega *et al.* (2019) se propusieron cuantificar la base genética de las diferencias fenotípicas en altura y diámetro basal junto con la diferenciación genética de 8 marcadores microsatélites neutros entre 5 procedencias (Fiambalá, Pipanaco, Mogna, Chilecito y Águila Limay) instaladas en esta misma prueba de progenies y procedencias. Los resultados sugirieron que la variación morfológica tiene una base genética significativa y las diferencias entre las procedencias pudieron ser explicadas por adaptación local. Desde el punto de vista molecular, se encontró una diferenciación genética baja pero significativa entre las procedencias (FST= 0,034, P= 5×10^{-4}). Estos resultados dieron la base para que los autores otorgaran recomendaciones tendientes a proporcionar una amplia base genética en un programa de restauración que considere la obtención/utilización de semillas que representen todos los grupos genéticos identificados, en lugar de todas las procedencias evitando el muestreo de más de una procedencia que abarque la misma base genética. En particular estudiando este grupo de procedencias, la variación genética puede ser mantenida muestreando semillas de 3 orígenes: Águila Limay, Fiambalá y Chilecito o Mogna. Sin embargo, los autores también proponen que si la prioridad del programa fuera llegar rápidamente a la cobertura del suelo, es decir, se requiere un rápido crecimiento, es posible ajustar la representación de los diferentes grupos genéticos de modo de compensar la ganancia esperada en la tasa de crecimiento manteniendo además una amplia base genética de modo de evitar la resiliencia evolutiva. La diferenciación morfológica detectada entre las 4 procedencias estudiadas indicaría que la utilización en planes de reforestación de semillas de Fiambalá puede proveer rápidamente individuos de mayor tamaño, sin embargo, no debe perderse de vista la necesidad de mantener una amplia base genética. En este sentido ha sido propuesta la utilización de semillas de Fiambalá y Mogna para representar una amplia base genética y obtener un rápido crecimiento para reforestar localidades ubicadas en el norte-centro de la región del Monte (Bessega *et al.*, 2019).

El ensayo de *N. chilensis* instalado en 1991 en El Sauce, Mendoza, se conformó a partir de semillas colectadas de 84 plantas madre provenientes de 9 procedencias distribuidas a lo largo de un gradiente latitudinal en la región del Monte en Argentina (Cony, 1993). Las plantas producidas a partir de semillas de una misma planta madre constituyen una familia de polinización abierta. El diseño experimental fue en bloques completamente aleatorizado, con 5 réplicas. En el diseño original, cada familia estaba representada por 3 individuos por bloque dando un total de 1260 árboles (5 bloques × 3 árboles × 84 fami-

lias). Las plantas fueron colocadas considerando una distancia de 4,5 m x 4,5 m y una sola fila de bordura rodeando y protegiendo el ensayo.

Chequer-Charan *et al.* (2020) cuantificaron en *N. chilensis* la variación morfológica de 5 caracteres de importancia económica (altura, diámetro basal, forma del árbol, largo de espinas y biomasa) y la variación molecular sobre la base de 6 loci SSR (microsatélites) en 4 procedencias (Villa Unión, Fiambalá, Mogna, Chilecito) de las 9 instaladas en el ensayo. El objetivo de dicho trabajo estuvo centrado en evaluar la significancia de la heredabilidad (h^2) de los caracteres de importancia económica y si la variación fenotípica observada es el efecto de adaptación local a diferentes condiciones ambientales. Los resultados indicaron que la mayor parte de la variación morfológica se encuentra dentro de las familias (95 %), y que las estimas de h^2 van de moderadas a bajas y presentan gran heterogeneidad entre los rasgos. Al momento del estudio, la h^2 resultó nula para la forma del árbol y moderada para el largo de espina (h^2=0,22) y biomasa (h^2=0,28). La diferenciación morfológica entre las procedencias fue baja pero significativa, y en este caso pudo ser atribuida a los individuos estudiados de Villa Unión. Al igual que en *N. flexuosa*, los marcadores moleculares indicaron una diferenciación baja pero significativa entre las procedencias (FST=0,03; $P=5\times10^{-4}$), capaz de diferenciar al menos 3 grupos genéticos. Las pruebas de neutralidad no dieron indicios de adaptación local, por el contrario, fueron consistentes con procesos como la selección estabilizadora en el caso del largo de la espina. En el marco del programa de mejoramiento de *N. chilensis*, los autores señalan que la estrategia de selección en un plan de mejoramiento debe depender del rasgo para ser mejorado y debe considerarse en el proceso de selección tanto a las procedencias como a las familias para la toma de materiales. De acuerdo con los resultados, se recomienda considerar un ranking de familias a fin de maximizar la ganancia genética, y si el objetivo del programa es obtener altos niveles de variación genética, los resultados morfológicos y de microsatélites permiten recomendar al menos la inclusión de semillas de por lo menos los grupos genéticos diferenciados (Villa Unión, Fiambalá y Mogna-Chilecito).

Recientemente Bessega *et al.* (2022) evaluaron la variación foliar en estas mismas 4 procedencias en este mismo ensayo para caracterizar la base genética de la variación foliar en *N. chilensis* con el fin de contribuir al programa de Mejoramiento. Se midieron 10 rasgos foliares en 105 individuos de Villa Unión, Fiambalá y Mogna y Chilecito, y tanto los análisis univariados como el multivariado mostraron una baja variación genética en los caracteres foliares medidos en el ensayo. Las pruebas de neutralidad sugieren que la variación foliar entre procedencias estaría modelada por deriva genética y no por selección natural. Los autores indican que dado que, en condiciones ambientales controladas, la variación genética para la mayoría de los rasgos foliares entre las procedencias resultó muy baja o nula, la variación descrita en la naturaleza podría ser explicada por la ocurrencia de plasticidad fenotípica. Esta característica de *N. chilensis* podría ser aprovechada en los programas de reforestación, forestación y restauración. Es posible esperar que el uso de materiales seleccionados bajo criterios económicos (altura, diámetro basal, biomasa) sean capaces de desarrollarse eficazmente en diferentes áreas aprovechándose de dicha plasticidad fenotípica de los rasgos foliares. Sin embargo, los autores indican que debe tenerse en cuenta también que, para el movimiento de semillas y su uso en nuevos sitios,

deben considerarse las consecuencias ecológicas y los desórdenes que el movimiento de material de diferentes fuentes puede causar y sugieren su estudio.

Algarrobo paraguayo (*Neltuma hassleri*)

En Argentina, *N. hassleri* tiene una distribución marginal. Sin embargo, esta especie tiene un gran potencial de plantación al sur de su distribución actual, considerando que su nicho ecológico podría desplazarse hacia el sur como consecuencia del cambio climático y duplicar la superficie de distribución en Argentina (Venier *et al.*, 2013). En este sentido, en el año 2018 se instaló un ensayo de progenies en el predio del Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Pequeña Agricultura Familiar (IPAF), ubicado en la localidad de Laguna Naineck sobre la Ruta Provincial N°4, en la provincia de Formosa. Para la realización del ensayo se configuró un esquema de 3 bloques completos. Cada bloque se encuentra constituido por 17 familias de medios hermanos de *N. hassleri* y dos procedencias de *N. alba*, una correspondiente a la población de Campo Duran (Salta) y otra del Rodal semillero de Isla de Cuba (Formosa). Al cuarto año, la media de altura total fue de 2,77 metros y el diámetro a la altura de pecho (DAP) fue de 5,1 cm. Este último parámetro tuvo una mayor dispersión, encontrándose individuos con diámetros superiores a los 10 cm.

Tabla 3. Medidas resumen ensayo de progenie de *N. hassleri* en Laguna Naineck Formosa. DAP: diámetro a la altura del pecho. HT: altura total. Medición mayo 2022.

Variable	Media	D.E.	CV	Mín.	Máx.
HT (m)	2,77	1,04	37,4	0,57	5,59
DAP (cm)	5,1	2,31	45,28	1,2	13

7.6. Bibliografía

ALVAREZ, J.A.; VILLAGRA, P.E. 2009. Prosopis flexuosa *DC. (Fabaceae, Mimosoideae). Kurtziana 35, 49-63.*

ARNOLD, M. 1997. *Natural hybridization and evolution. Oxford University press, Oxford.*

BESSEGA, C.; CONY, M.A.; SAIDMAN, B.O.; AGUILO, R.; VILLAGRA, P.; ALVAREZ, J.; POMETTI, C.; VILARDI J.C. 2019. *Genetic diversity and differentiation among provenances of* Prosopis flexuosa *DC (Leguminosae) in a progeny trial: implications for arid land restoration. Forest Ecology and Management 443:59-68.*

BESSEGA, C.; POMETTI, C.L.; EWENS, M.; SAIDMAN, B.O., VILARDI, J.C. 2015. *Improving initial trials in tree breeding using kinship and breeding values estimated in the wild: the case of* Prosopis alba *in Argentina. New Forests 46, 427-448.*

BESSEGA, C.; POMETTI, C.L.; EWENS, M.; SAIDMAN, B.O.; VILARDI, J.C. 2016. *Fine-scale spatial genetic structure analysis in two Argentine populations of* Prosopis alba *(Mimosoideae) with different levels of ecological disturbance. European Journal of Forest Research 135 (3), 495-505.*

BESSEGA, C.; SAIDMAN, B.O.; DARQUIER, M.R.; EWENS, M.; FELKER, P; VILARDI, J.C. 2011. *Accuracy of dominant markers for estimation of relatedness and heritability in an experimental stand of* Prosopis alba *(Leguminosae). Tree Genetics and Genomes 7, 103-115.*

BESSEGA, C.; SAIDMAN, O.B.; DARQUIER, M.R.; EWENS, M.; SÁNCHEZ, L; ROZENBERG, P. 2009. *Consistency between marker- and genealogy based heritability estimates in an experimental stand of* Prosopis alba *(Leguminosae). American Journal of Botany 96 (2), 458-465.*

BESSEGA, C.; VILARDI, J.C.; CONY, M.; SAIDMAN, B.; POMETTI, C. 2022. *Low genetic variation of foliar traits among* Prosopis chilensis *(Leguminosae) provenances. Journal of Plant Research 135(2):221-234.*

CAPELLO, R. 2019. *Banco de Germoplasma Forestal. Manejo de los Recursos Genéticos Forestales Nativos. (Disponible: https://www.formosa.gob.ar/produccion/ recursos naturales /bancogermo-plasma verificado: 13 de junio de 2019).*

CARRERAS, R.; BESSEGA, C.; LÓPEZ, C.; SAIDMAN, B.; VILARDI, J. 2017. *Developing a breeding strategy for multiple trait selection in* Prosopis alba *Griseb., a native forest species of the Chaco Region in Argentina. Forestry: An International Journal of Forest Research. 90(2):199-210.*

CATALÁN, L.A.; MACCHIAVELOLI, R.E. 1991. *Improving germination in* Prosopis flexuosa *DC and* P. alba *Griseb. with hot water treatments and scarification. Seed Science and Technology, 19(2), 253-262.*

CATALÁN, L.; BALZARINI, M. 1992. *Improved laboratory germination conditions for several arboreal* Prosopis species: P. chilensis, P. flexuosa, P. nigra, P. alba, P. caldenia *and* P. affinis*. Seed Science and Technology 20: 293-298.*

CHÁVEZ-DÍAZ, L.; GONZÁLEZ, P.; RUBIO, E.; MELCHIORRE, M. 2013. *Diversity and stress tolerance in rhizobia from Parque Chaqueño region of Argentina nodulating* Prosopis alba*. M Biol Fert Soil 49:1153-1165. doi:10.1007/s00374-013-0814-6*

CHEQUER-CHARÁN, D.; POMETTI, C.; CONY, M.A.; VILARDI, J.C.; SAIDMAN, B.O.; BESSEGA, C. 2020. *Genetic variance distribution of SSR markers and economically important quantitative traits in a progeny trial of* Prosopis chilensis *(Leguminosae): implications for the 'Algarrobo' management programme. Forestry 94: 204-218.*

CISNEROS, F.; VERGA, A.R.; LÓPEZ, C.R.; TEICH, I.; GALLO, L.A.; CAPPA, E.A. 2019. *Variación entre procedencias y parámetros genéticos de* Prosopis alba *GRISEB en Gran Chaco. VIII Reunión GEMFO. Bella Vista, Corrientes, Argentina.*

CONY, M. 1997. *Genetic potential of* Prosopis *in Argentina for its use in others countries. En: Felker, P.; Moses, J. (eds.).* Prosopis*: Semiarid Fuelwood and Forage Tress Building Consensus for the Disenfranchised.. U. S. National Academy of Sciences. 6-24 pp.*

CONY, M.A. 1993. *Programa de conservación y mejoramiento de especies del genero* Prosopis *en la Provincia Fitogeografica del Monte, Argentina. Unidades de Botanica y Fisiologia Vegetal (IADIZA) (ed.) Quinta Reunion*

Regional para America Latina y el Caribe de la Red de Forestacion CIID, Conservación y Mejoramiento del Genero Prosopis. IADIZA-CRICYT-CIID, Mendoza, Argentina. 34-71.

CONY, M.A. 1995. *Reforestación racional de zonas áridas y semiáridas con árboles de múltiples propósitos. Interciencia 20: 249-253.*

CONY, M.A. 1996. *Genetic variability in* Prosopis flexuosa *D.C. a native tree of Monte phytogeography province, Argentina. Forest Ecology and Management 87: 41-49.*

COSIANSI, J. 1992. *Desarrollo de un mecanismo para trillar vainas del género* Prosopis*. Tesis. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. Universidad Nacional de la Plata. Argentina. 138 p.*

DARQUIER, M.R.; BESSEGA, C.; CONY, M.; VILARDI, J.C.; SAIDMAN, B.O. 2013*. Evidence of heterogeneous selection on quantitative traits of* Prosopis flexuosa *(Leguminosae) from multivariate QST–FST test. Tree Genetics and Genomes 9: 307-320.*

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. 1996. *Introducción a la Genética Cuantitativa. Traducido por A. Caballero R.A.; López-Fanjul A.C.; Toro I.M.A.; Blasco M.A. 4.º ed. Acribia S.A. Zaragoza, España. 469 p.*

FAO. 2014. *Plan de acción mundial para la conservación y la utilización sostenible y el desarrollo de los recursos genéticos forestales. Comisión de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura. 35 p.*

FELKER, P.; LÓPEZ, C.; SOULIER, C.; OCHOA, J.; ABDALA, R.; EWENS, M. 2001. *Genetic evaluation of* Prosopis alba *(algarrobo) in Argentina for cloning elite trees. Agroforestry Systems 53: 65-76.*

FRASSONI, J.E.; KURINA, F.G.; LAUENSTEIN, D.L.; JOSEAU, M.J. 2021. *Análisis de estrategias de brotación de familias de polinización abierta de* Prosopis alba *Grisebach de Argentina. AgriScientia, 38(2), 27-40.*

GRANT, V. 1981. *Plant Speciation. 2 ed. Columbia University Press. Nueva York.*

HUNZIKER, J.H.; SAIDMAN, B.O.; NARANJO, C.A.; PALACIOS, R.A.; POGGIO, L.; BURGHARDT, A.D. 1986. *Hybridization and genetic variation of Argentine species of* Prosopis*. Forest ecology and management, 16(1-4): 301-315.*

JOSEAU, J.; VERGA, A.; DÍAZ, M. DEL P. 2005. *Los recursos genéticos de* Prosopis*. En: Senigagliesi, C.; Marcó, G.; Rearte, D.; Rodríguez, R.; Berra, G.; Actis, J.J.; Elverdín, J.; Hofer, C.; Schlichter, T. (Eds.). IDIA XXI Forestales. Ediciones INTA. 8: 207-211 pp.*

JOSEAU, M.; FRASSONI, J.; VERZINO, G.; RODRIGUEZ REARTES, S.; VERGA, A.; LÓPEZ LAUENSTEIN, D. 2021. *Avances en la conservación y obtención de material selecto del Banco Nacional De Germoplasma de* Prosopis*, Córdoba, Argentina. FAVE Sección Ciencias Agrarias, 20(1): 265-285.*

LINDGREN, D; MULLIN, T. 1997. *Balancing gain and relatedness in selection. Silvae Genetica 46:124-129.*

LÓPEZ, C.; MALDONADO, A.; SALIM, V. 2001. *Variación genética de Progenies de* Prosopis alba*. Investigación Agraria. Sistemas y Recursos Forestales 10(1):59-68.*

LÓPEZ LAUENSTEIN, D.; TEICH, I.; CARLONI, E.; MELCHIORRE, M.; SAGADIN, M.; FRASSONI, J.; JOSEAU, M.J. 2021. *Genetic Breeding of Prosopis Species from the "Great American Chaco". En: Pastorino, M.J.; Marchelli, P. (Eds.). Low Intensity Breeding of Native Forest Trees in Argentina. Springer, Cham. 271-293.*

LÓPEZ LAUENSTEIN, D.; VEGA, C.; LUNA, C.; SAGADIN, M.; MELCHIORRE, M.; POZZI, E.; SALTO, C.; OBERSCHELP, J.; TORALES, S.; POMPONIO, F.; KEES, S.; CHÁVEZ DÍAZ, L.; GOMEZ, C.; VERGA, A. 2016. *Subprograma Prosopis. En: Marcó, M.A.; Llavallol, C.E. (eds.). Domesticación y mejoramiento de especies forestales. Buenos Aires: Unidad para el Cambio Rural. Ministerio de Agroindustrias. Presidencia de la Nación Argentina. 113-136.*

LÓPEZ LAUENSTEIN, D.; VEGA, C.; VERGA, A.; FORNES, L.; SARAVIA, P.; FEYLING, M.; EWENS, M.; EWENS, J.; PÉREZ, V.; GÓMEZ, C.; OVIEDO, E.; RADRIZZANI, A. 2019. *Evaluación de diez orígenes de Algarrobo para establecer sistemas silvopastoriles en el Chaco semiárido argentino. x Congreso Internacional de Sistemas Silvopastoriles. Asunción, Paraguay.*

LÓPEZ, C. 2005. *Evaluación de la variación genética de especies del género* Prosopis *de la Región Chaqueña Argentina para su conservación y mejoramiento. Mejores árboles para más forestadores. 195-204 pp.*

MANTOVÁN, N.G. 2002. *Early growth differentiation among* Prosopis flexuosa *D.C provenances from the Monte phytogeographic province, Argentina. New Forests 23: 19-30.*

MONTOYA, P.; COSIANSI, J.; GRASSO, F.; MELCHIORRE, M. 2021. *Formulación y propiedades de biopolímero de recubrimiento para semillas de maní (Arachis hypogaea L.). AgriScientia, 38(1). https://doi.org/10.31047/1668.298x.v38.n1.30254*

NAMKOONG, G. 1989. *Population genetics and the dynamics of conservation. Biotic diversity and germplasm preservation, global imperatives. Springer, Dordrecht. 161-181 pp.*

PASTORINO, M.J.; APARICIO, A.G.; AZPILICUETA, M.M. 2015. *Regiones de Procedencia del Ciprés de la Cordillera. Ediciones INTA, Bariloche, Argentina.*

PETIT, C.; BRETAGNOLLE, F.; FELBER, F. 1999. *Evolutionary consequences of diploid-polyploid hybrid zones in wild species. Trends in Ecology and Evolution 14: 306-311.*

POPIGNIS, F. 1977. *Fisiología da Sementes. Argiplan. Brasilia. 289 p.*

RIESEBERG, L.H. 1997. *Hybrid origin of a plant species. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics 28: 359-389.*

RIESEBERG, L.H.; CARNEY, S.E. 1998. *Plant hybridization. New Phytologist 140: 599-624.*

RIESEBERG, L.H.; GERBER, D. 1995. *Hybridization in the Catalina island Mountain mahogany (Cercocarpus traskiae): RAPD evidence. Conservation Biology 9: 199-203.*

RUOTSALAINEN, S.; LINDGREN, D. 1998. *Predicting genetic gain of backward and forward selection in forest tree breeding. Silvae Genetica 47: 42-50.*

SAIDMAN, B. 1986. *Isoenzymatic studies of alcohol dehydrogenase and glutamate oxalacetate transaminase in four South American species of* Prosopis *and their natural hybrids. Silvae Genet 35:3-10.*

SAIDMAN, B.O.; BESSEGA, C.F.; FERREYRA, L.; JULIO, N.; VILARDI, J.C. 2000. *Estudios evolutivos y poblacionales en el género* Prosopis *utilizando marcadores bioquímicos y moleculares. Multequina 9(2): 81-93.*

SALTO, C.S. 2011. *Variación genética en progenies de polinización abierta de* Prosopis alba *Griseb. de la Región Chaqueña. Maestría en Genética Vegetal Tesis. Área de mejoramiento genético UNR, Concordia, Argentina.*

SALTO, C.S.; MELCHIORRE, M.; OBERSCHELP, G.P.J.; POZZI, E.; HARRAN, L. 2019. *Effect of fertilization and inoculation with native rhizobial strains on growth of* Prosopis alba *seedlings under nursery conditions. Agroforest Syst 93, 621-629. https://doi.org/10.1007/s10457-017-0156-8*

SOTOLONGO, R; GEADA, G; COBAS, M. 2012. *Mejoramiento genético forestal. Texto para estudiantes de Ingeniería forestal. FAO. 52 p.*

SPANO, D.; CESARACCIO, C.; DUCE, P; SNYDER, R.L. 1999. *Phenological stages of natural species and their use as climate indicators. International Journal of Biometeorology, 42, 124-133.*

SPENSLEY, J.; SABELLI, A.; BUENFIL, J. 2013. *Estudio de Vulnerabilidad e Impacto Del Cambio Climático En El Gran Chaco Americano. Ed. Programa de las Nacionales Unidas para el Medio Ambiente, PNUMA.*

THOMAS, E.; JALONEN, R.; LOO, J.; BOSHIER, D.; GALLO, L.; CAVERS, S.; BORDACS, S.; SMITH, P.; BOZZANO, M. 2014. *Genetic consideration in restoration using native trees species. Forest Ecology and Management 333, 66-75.*

VANDEMOORTELE, Q. 2008. *Variabilité génétique et sélection précoce de* Prosopis flexuosa *dans le Monte Argentin. Tesis. Ecole Supérieure d'Agriculture - Institut Argentin de recherche en Zones Arides IADIZA CONICET. 60 p.*

VEGA, C.; TEICH, I.; ACOSTA, M.C.; LÓPEZ LAUENSTEIN, D.; VERGA, A.; COSACOV, A. 2020. *Morphological and molecular characterization of a hybrid zone between* Prosopis alba *and P. nigra in the Chaco region of northwestern Argentina. Silvae Genet 69:44-55.*

VENIER, P.; COSACOV, A.; LÓPEZ LAUENSTEIN, D.; VEGA, C.; VERGA, A. 2013. *Impacto del cambio climático sobre la distribución de* Prosopis hassleri *y* P. Alba *en la región chaqueña. Producción Forestal. Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca: 35-38.*

VERGA, A. 1995. *Genetic study of* Prosopis chilensis *y* Prosopis flexuosa *(Mimosaceae) in the dry Chaco of Argentina. Doctoral thesis, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzensüchtung der Universität Göttingen, Alemania, 96 p.*

VERGA, A. 2005. *Recursos Genéticos, Mejoramiento y Conservación de Especies del Género* Prosopis*. En: Norberto, C.A. (ed.). Mejores árboles para más forestadores. El Programa de Producción de Material de Propagación Mejorado y el Mejoramiento Genético en el Proyecto Forestal de Desarrollo SAGPyA-BIRF. Verga, A. 2014. Rodales semilleros de Prosopis a partir del bosque nativo. Quebracho 19: 125-138.*

VERGA, A. 2013. *Rodales semilleros de Prosopis a partir del bosque nativo. Quebracho 19, 125-138.*

VERGA, A. 2015. *Hoja 3.6. Programa de distribución gratuita. Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV). Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Córdoba, Argentina.*

VERGA, A.; LÓPEZ LAUENSTEIN D.; LÓPEZ, C.; NAVALL, M.; JOSEAU, J.; GÓMEZ, C.; ROYO, O.; DEGANO, W.; MARCÓ, M. 2009. *Caracterización morfológica de los algarrobos (*Prosopis *sp.) en las regiones fitogeográficas Chaqueña y Espinal norte de Argentina. Quebracho 17: 31-40.*

VERZINO, G.E.; FRASSONI, J.E.; JOSEAU, M.J.; CLAUSEN, G.; NAVARRO, C. 2019. *Conservación* ex situ*,* circa situ e in situ *realizada por el Banco Nacional de Germoplasma de Prosopis, Córdoba, Argentina. Revista Nexo 7 (1) 42:52.*

VINCENT, J.M. 1970. *A Manual for the Practical Study of the Root-Nodule Bacteria. Blackwell, Oxford.*

ZOBEL, B.; TALBERT, J. 1984. *Applied forest tree improvement. John Wiley & Sons. Nueva York. 505 p.*