



## **XXIII Comunicaciones Científicas y Tecnológicas**

Orden Poster: CE-047 (ID: 803)

**Autor: Santagiuliana, Silvana Valeria**

**Título: Análisis de los patrones espaciales de los haplotipos de ADNcp de especies de Schizachyrium Nees (Poaceae, Andropogoneae) que crecen en el nordeste Argentino.**

Director:

Palabras clave: Conservación, Genética de Poblaciones, NEA, Schizachyrium

Área de Beca: Cs. Naturales Y Exactas

Tipo Beca: Cyt - Pregrado

Periodo: 01/03/2016 al 28/02/2017

Lugar de trabajo: Ibone - Inst. De Botánica Del Nordeste

Proyecto: (14P004) Estudios citogenéticos, evolutivos y filogeográficos en especies seleccionadas del nordeste argentino: una contribución al conocimiento de la biodiversidad y la conservación de la flora regional.

### **Resumen:**

El Nordeste argentino (NEA) incluye seis ecorregiones, cinco de las cuales confluyen en la provincia de Corrientes. Actualmente, los desmontes y la conversión del uso de la tierra, de pastizales a forestales, o de ganaderas a agrícolas, están ocasionando una importante pérdida de biodiversidad, afectando especialmente a las sabanas y pastizales naturales. Por lo tanto, para prevenir la pérdida de biodiversidad de esta región es preciso contar con información, acerca de los procesos ecológicos y evolutivos que la generan y mantienen. En este contexto, la caracterización genética utilizando marcadores moleculares constituye una herramienta muy valiosa para identificar poblaciones con mayor variabilidad genética y establecer estrategias que priorizan la conservación de grupos que incluyen representantes de la mayor parte de la historia evolutiva de las especies. Por lo antes expuesto, en este trabajo se propone contribuir al conocimiento y conservación de la biodiversidad del NEA, a través de la caracterización genética de poblaciones de *Schizachyrium* spp. (Gramineae, Andropogoneae) que crecen en Corrientes, por medio del análisis de la variabilidad genética intra e interpoblacional y de los patrones espaciales de los haplotipos de ADN cloroplástico. Para ello se analizaron 56 individuos pertenecientes a 6 poblaciones de *S. sanguineum*, *S. tenerum* y *S. bimucronatum*. El alineamiento de la región no codificante de ADNcp matK5'-matK6 resultó en una secuencia de 544 pb, de los cuales 24 fueron polimórficos. Se hallaron diez haplotipos (H), presentándose entre tres y cuatro haplotipos exclusivos para cada especie. Además, se observó que en las poblaciones de una misma especie existe al menos un haplotipo común. Los resultados obtenidos de AMOVA resultaron no significativos. Los resultados de este trabajo sumados a los obtenidos del análisis empleando marcadores nucleares en las mismas poblaciones de *Schizachyrium*, evidencian una clara diferenciación genética entre sus especies. Los resultados de las relaciones evolutivas evidenciaron que los haplotipos exclusivos de cada especie son cercanos evolutivamente. Finalmente, la variabilidad genética aquí detectada estaría relacionada, al menos en parte, con el tamaño del área de distribución de dichas especies. Los datos de variación genética aquí obtenidos sugieren la existencia, en estas especies, de unidades intraespecíficas con suficiente divergencia evolutiva como para requerir una conservación independiente.