



XXII Comunicaciones Científicas y Tecnológicas

Orden Poster: CE-056 (ID: 433)

Autor: Almirón, Emilia Noelia Alejandrina

Título: Análisis de la variabilidad y estructura genéticas de poblaciones de Schizachyrium spp de la Provincia de Corrientes.

Director:

Palabras clave: RAPD, Genética de Poblaciones, Taxonomía, Conservación

Área de Beca: Cs. Naturales Y Exactas

Tipo Beca: Beca De Otro Organismo Cyt Desarrollados En La Unne

Periodo: 01/04/2016 al 01/04/2021

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 Chaco Oriental, se distingue por presentar una gran diversidad de ambientes, esto hace que la región sea una de las de mayor importancia socio-ambiental de Sudamérica. Las sabanas y pastizales constituyen uno de los tipos de vegetación más importantes, en los que predominan diferentes especies de Poaceae. En la actualidad, el Chaco Oriental es el escenario de un proceso de cambio de uso de la tierra. La fragmentación de los hábitats, el desarrollo de redes viales, el avance de la frontera agrícola y el cambio en las prácticas agropecuarias generan una pérdida importante de la biodiversidad de la región y ponen en riesgo la continuidad de los procesos que la generan y mantienen. La caracterización genética de especies "clave" constituye una herramienta muy valiosa para la adopción de una estrategia de conservación in situ que considere la continuidad de los procesos de origen y mantenimiento de la biodiversidad a escala regional. Hasta el momento no se ha realizado un estudio exhaustivo sobre la variabilidad genética existente en las especies dominantes de las sabanas y los pastizales. Sobre la base de estos antecedentes, a fin de contribuir al conocimiento y conservación de la biodiversidad de la flora del Distrito Chaqueño Oriental en la Provincia de Corrientes, en este trabajo se analizó la variabilidad y estructura genéticas de poblaciones de *Schizachyrium* spp. Los resultados obtenidos constituyen el primer aporte al conocimiento de la variabilidad y estructura genéticas de *S. bimucronatum*, *S. sanguineum* y *S. tenerum* así como del género *Schizachyrium*. Los resultados obtenidos sugieren que la caracterización molecular constituiría una herramienta complementaria muy valiosa para precisar la circunscripción taxonómica de las especies de *Schizachyrium*. Las diferencias en variabilidad y estructura genéticas detectadas entre las especies estarían relacionadas, al menos en parte, con el tamaño del área de distribución así como con las características del sistema reproductivo y el nivel de ploidía de dichas especies. Además, el hecho que se detectaran algunos individuos con una proporción de sus genomas asignable a los genomas de otras poblaciones o incluso de otras especies del género, constituyen la primera evidencia de hibridación natural en *Schizachyrium*. Los grupos bayesianos, la presencia de bandas exclusivas y los valores de Φ_{st} detectados en las poblaciones analizadas, sugieren la existencia en estas especies de unidades intraespecíficas con suficiente divergencia evolutiva como para requerir una conservación independiente. En particular, en *S. bimucronatum* que es una especie endémica, presenta la menor variabilidad genética entre las especies estudiadas y actualmente sus poblaciones estarían sujetas a procesos de endogamia.