

Area de Beca: CE - Cs. Exactas y Naturales

Título del Trabajo: **ANÁLISIS DE LOS PATRONES DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN EL COMPLEJO TURNERA SIDOIDES L. (PASSIFLORACEAE)**

Autores: MORENO, ERCILIA M.S. - MOLA MORINGA, NATALIA S. - SOLÍS NEFFA, VIVIANA G.

E-mail de Contacto: sariu_200@hotmail.com

Teléfono: 0379-4422006

Tipo de Beca: CONICET Tipo II

Resolución Nº: 3614

Período: 01/04/2012 - 01/04/2014

Proyecto Acreditado: **PI A003/10**, Título, Secretaría General de Ciencia y Técnica (UNNE), 2011 - 2014.

Lugar de Trabajo: IBONE - Instituto de Botánica del Nordeste

Palabras Claves: Random Amplified Polymorphism DNA, Dominio Chaqueño, Reservorio

Resumen:

Los actuales patrones de biodiversidad y distribución geográfica de las especies son el producto de historias evolutivas complejas relacionadas, al menos en parte, a cambios ambientales históricos. Las modificaciones en la vegetación, debido a dichos cambios, pudieron interrumpir el área de las especies, causar la extinción local de poblaciones y cambiar las presiones de selección, produciendo una considerable reorganización genética que puede reflejarse en los acervos génicos de las especies modernas. Los datos disponibles para probar las hipótesis planteadas en relación a la respuesta de los organismos a los cambios climáticos ocurridos en el Dominio Fitogeográfico Chaqueño son todavía escasos, por lo cual, estudios de la distribución geográfica de la variabilidad genética en especies clave, como el complejo *Turnera sidoides*, pueden ser muy informativos. En este marco, se caracterizó la variabilidad genética intraespecífica de *T. sidoides* mediante el empleo de marcadores de ADN nuclear (Random Amplified Polymorphism DNA) y se analizó la distribución geográfica de las variantes genéticas detectadas. A partir del análisis de 205 individuos pertenecientes a 41 poblaciones, representativas de las cinco subespecies del complejo, se detectaron un total de 179 bandas RAPD, el porcentaje promedio de *loci* polimórficos fue de 9,47 %, el índice de diversidad de Shannon promedio fue de 0,052 y la heterocigosis esperada promedio fue de 0,035. El análisis de los patrones de bandas por subespecies reveló un elevado número de bandas exclusivas en cada una de ellas. Las diferentes regiones geográficas dentro del área del complejo también mostraron valores altos en todos los índices de diversidad analizados. En dichas regiones también se detectaron bandas exclusivas. El análisis molecular de la varianza (AMOVA) reveló que la variabilidad genética está estructurada, mostrando diferencias significativas tanto entre poblaciones, como entre subespecies y regiones geográficas. Por otra parte, el análisis de coordenadas principales (PCoA) basado en las distancias genéticas entre las poblaciones estudiadas, reveló que las dos primeras coordenadas explican un 49,43 % de la variación total. La coordenada 1 separa principalmente a los individuos pertenecientes a la subespecie *pinnatifida* del resto de las subespecies. Asimismo, es posible identificar algunas poblaciones ordenadas de acuerdo a las regiones geográficas de origen. Finalmente, el test de Mantel reveló que la divergencia genética entre las poblaciones no está correlacionada con la distancia geográfica ($r = 0,0763$; $P = 0,964$) por lo que la variación genética no se encuentra estructurada clinalmente. Los resultados obtenidos mostraron que las subespecies del complejo están diferenciadas genéticamente entre sí. A partir de los resultados aquí obtenidos, sumados a la información citogenética y de variabilidad del ADNcp de estudios previos llevados a cabo en el complejo, se propone la existencia de siete centros de diversificación de *T. sidoides* asociados a los mayores sistemas orográficos en la región: Valles interandinos; Chaco Boliviano y salteño, Sierras de Córdoba, Mesopotamia, Cuchilla de Haedo, Serranías del Este y Rio Grande do Sul. Las áreas de mayor diversidad morfológica y genética detectadas en *T. sidoides* representarían reservorios de la variabilidad genética de ésta como de otras especies del Dominio Fitogeográfico Chaqueño; mientras que el arco serrano peripampásico constituiría un importante corredor que mantendría la conectividad biológica entre dichos reservorios. El análisis de la congruencia de los patrones de la distribución de las variantes genéticas de *T. sidoides* y de otros taxa co-distribuidos en relación a patrones de variación ambiental y uso de la tierra a escala regional en curso, contribuirán a la identificación de áreas prioritarias para la conservación de la diversidad vegetal de la región y realizar predicciones para el estudio de otras especies.

Becario
(Firma)

Co-Autor
(Firma)

Co-Autor
(Firma)

Director de Beca
(Firma y Aclaración)

Director de Proyecto
(Firma y Aclaración)

Control: 23rp0jeki