

II Reunión Argentina de Biología Evolutiva



**II RABE
2017**

LIBRO DE RESÚMENES

Corrientes, Argentina

3 al 5 de Julio de 2017

II Reunión Argentina de Biología Evolutiva

Responsables

Viviana G. Solís Neffa

Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE) – Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET)

J. Guillermo Seijo

Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE) – Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET)

Alfredo E. Zurita

Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE) – Centro de Ecología Aplicada del Litoral (UNNE-CONICET)

Oscar F. Gallego

Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE) – Centro de Ecología Aplicada del Litoral (UNNE-CONICET)

María Teresa Sandoval

Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE)

Cinthia Calamante

Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE)

Comisión Organizadora

Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE) – Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET) – Centro de Ecología Aplicada del Litoral (UNNE-CONICET)

Noelia E.A. Almirón

Betiana Angulo

Johana Báez

Laura Chalup

Silvina A. Contreras

Francisco Cuadrelli

Alejandra V. García

Gabriela Farco

Silvia A. Fernández

Victoria Jiménez

Evelin Kovalsky

Cecilia Méndez

Ángel R. Miño Bolilini

Mateo D Monferran

Eduardo Murcia

Esteban N. Paredes

Yanina Pérez

Sofía Quiñones

Juan Manuel Robledo

Celeste Silvestri

Carolina Silva

Gisela Via do Pico

Belén Zamudio

II Reunión Argentina de Biología Evolutiva

Comité Científico

Guillermo Amico (INIBIOMA – CONICET)
Santiago Benitez-Vieyra (IMBIV – CONICET/UNC)
Andrea A. Cocucci (IMBIV – CONICET/UNC)
Noemí Gardenal (IDEA – CONICET/UNC)
Esteban Hasson (IEGEBA - CONICET/UBA)
Mariana Morando (CENPAT – CONICET)
Mariano Ordano (FUND.MIGUEL LILLO)
Raúl Pozner (IBODA – CONICET)
Andrea C. Premoli (INIBIOMA – CONICET)
J. Guillermo Seijo (IBONE – UNNE- CONICET)
Alicia N. Sérsic (IMBIV – CONICET/UNC)
Viviana G. Solís Neffa (IBONE – UNNE- CONICET)
Ignacio M. Soto (IEGEBA - CONICET/UBA)

Libro de resúmenes

Diseño y edición:

Viviana Solís Neffa (IBONE – CONICET)
Silvia A. Fernández (IBONE – CONICET)
Carolina Silva (FACENA –UNNE)

Revisores de resúmenes

Andrea Cosacov

Félix I. Contreras

Silvina A. Contreras

Laura M.I. Chalup

Oscar F. Gallego

Evelin Kovalsky

Alicia López

Ángel Miño Bolini

Marcela Moré

Mariano Ordano

Germán Robledo Dobladez

J. Guillermo Seijo

Alicia N. Sérsic

Viviana G. Solís Neffa

Ignacio M. Soto

Romina Vidal-Russell

Alfredo E. Zurita

Organizan



Auspician



Declaraciones de Interés



ÍNDICE GENERAL

CONFERENCIAS	6
HOMENAJE A S.J. GOULD	10
SIMPOSIOS	13
Biotas y geología del NEA durante el Cenozoico tardío: una mirada multidisciplinaria	14
Filogeografía de especies Chaco-Pampeanas	18
Métodos comparados en Biología Evolutiva	23
Evolución cromosómica en animales: integración de casos de estudio en insectos, peces y mamíferos	25
EXPOSICIONES	
Macroevolución y Microevolución	30
Genómica y Genética del Desarrollo	82
Docencia	89
Teoría Evolutiva y Filosofía del Pensamiento Evolutivo	92
ÍNDICE DE AUTORES	96



II RABE 2017

CONFERENCIAS

EVOLUCIÓN CLIMÁTICA Y AMBIENTAL EN EL NORESTE DE ARGENTINA DURANTE EL CUATERNARIO

MH Iriondo

Investigador independiente. martiniriondo42@yahoo.com.ar

Durante el Cuaternario (últimos 2.600.000 años de la historia de la Tierra) el Noreste de Argentina ha sufrido una serie de cambios climáticos importantes. Este sector del país comprende tres grandes regiones naturales de tierras bajas: el Chaco, la Mesopotamia y la Pampa Norte, cada una de las cuales ya había adquirido una identidad propia y definida durante el Terciario Superior, producida principalmente por el substrato y la dinámica geológica. El Chaco está compuesto por una serie de mega-abanicos fluviales generados en la Cordillera de los Andes en latitudes tropicales y subtropicales que aportan abundantes nutrientes a los ecosistemas. La Mesopotamia es una región dominada por las rocas antiguas y recicladas del Escudo Basileño, además de basaltos cretácicos, lavados y lixiviados durante cientos de millones de años. La Pampa Norte muestra una importante influencia de procesos eólicos y abundantes sedimentos finos originados en el Sur cordillerano. Sobre este fundamento complejo se desarrolló durante el Cuaternario una serie de climas de dos tipos contrastados, cálido/húmedo y frío/seco. Los sucesivos cambios climáticos se expresaron sobre el terreno mediante el corrimiento de las líneas climáticas de Noreste a Suroeste y viceversa. El Pleistoceno Inferior (entre 2.600.000 y 780.000 años Antes del Presente) comenzó con un clima cálido y húmedo y finalizó con clima seco y frío en toda la región; el ambiente patagónico cubrió toda la región pampeana y la provincia de Entre Ríos. El Pleistoceno Medio (780.000-126.000 a. A.P.) fue un largo período de erosión generalizada, húmedo y relativamente cálido, durante el cual se labró el paisaje de colinas mesopotámicas, finalizando con un pulso fuertemente cálido y húmedo, conocido como Último Interglacial. El Pleistoceno Superior (126.000-11.500 a. A.P.) estuvo dominado por fases frío/secas, correspondientes al Último Período Glacial. Durante el Holoceno (últimos 11.500 años) ocurrieron oscilaciones climáticas breves y fuertes, una de ellas fue el Hypsithermal, alrededor de 5 mil años antes del presente, que permitió el avance de la selva misionera hasta la mitad de la provincia de Entre Ríos.

Cada una de las fases climáticas sucesivas ha formado paisajes propios con dinámicas específicas y productos propios, tales como tipos de suelos diferentes a los heredados, nuevos minerales, microambientes, excavación y relleno de valles y otros efectos. Dichos efectos y formas son heredados por los climas y paisajes posteriores que resultan condicionados parcialmente. Un caso importante es la generación de arcillas expansivas ocurrida durante el clima desértico del final del Pleistoceno Inferior, cuyas propiedades coloidales impiden a las plantas extraer el agua del suelo (el agua está, pero retenida fuertemente por tensiones eléctricas); en consecuencia, en climas húmedos posteriores como el actual, la vegetación sufre una "sequía fisiológica" que equivale a un clima semiárido. El caso opuesto está representado por los pequeños y profundos valles holocenos que se suceden frecuentemente a lo largo de las barrancas del río Paraná, los cuales constituyen refugios para la flora subtropical que desciende allí hacia el sur a lo largo de más de mil kilómetros hasta bien dentro de una región de clima templado. También se pueden citar las hoyas de deflación que criban la llanura santafesina: son depresiones circulares poco profundas formadas por erosión eólica durante un clima seco y frío que se extendió entre los años 1.300 y 1.800 de nuestra era (la Pequeña Edad del Hielo), o sea un paisaje típicamente semiárido con 300 a 500 milímetros de precipitación anual. Actualmente, dichas hoyas se han transformado en lagunas semipermanentes y permanentes que permiten gran abundancia de aves acuáticas y son funcionales en un clima de más de mil milímetros anuales.

EL ESQUELETO DE LAS EXTREMIDADES DE LOS ANUROS: VARIACIÓN POSIBLE Y NOVEDADES EVOLUTIVAS

M Fabrezi

Instituto de Bio y Geociencias del NOA (IBIGEO-CONICET), CCT-Salta. 9 de julio 14. Rosario de Lerma-4405 (Salta). República Argentina. mfabrezi@conicet.gov.ar o mfabrezi@gmail.com

El concepto de evolutividad es central en Biología Evolutiva; sin embargo un análisis profundo a partir de la literatura demostró que según el abordaje (Evo-Evo, Genética de poblaciones, Macroevolución, Biología molecular) existen diferentes interpretaciones de a evolutividad con énfasis en problemas diferentes. En la agenda de la Evolución del Desarrollo (Evo-Devo) el desarrollo modular y la novedad, son aspectos relevantes para interpretar la evolutividad de los organismos. En esta presentación vamos a tratar de aproximarnos a la idea de evolutividad sobre la base de información del desarrollo y la variación morfológica de las extremidades de las ranas. La organización y crecimiento del esqueleto de las extremidades en el grupo sugiere la presencia de algunas reglas en el desarrollo que limitan la variación tanto en tamaño como en forma al limitar la variación intermodular (cabeza, tronco/urositlo y extremidades). Existen características en los zeugopodios y carpales/tarsales proximales que pueden ser asociados con el salto y el aterrizaje, el tipo de locomoción dominante. El prepollex y el prehallux, son estructuras únicas en las manos y patas de los anuros, no son dedos vestigiales y se han incorporado de manera definitiva y regular en los autopodios para cumplir en algunos grupos funciones específicas (espinas retráctiles, órganos cavadores). La presencia de elementos intra-articulares o meniscos (intercalares) que jamás osifican se observa entre las dos falanges distales de cada de dedo (mano y pata) de las especies de ranas arborícolas. El intercalar asociado a una almohadilla digital que actúa como una ventosa representa una innovación en la locomoción: en la fase de reposo, la almohadilla digital permite a la rana permanecer sobre superficies verticales/inclinadas más o menos lisas (como una hoja) sin caer y el intercalar proporciona superficies articulares extra para que el animal se pueda mover sin despegar la almohadilla; mientras que en la fase del salto, los intercalares actúan como amortiguadores cuando el animal alcanza una nueva superficie. Así, el intercalar representa una novedad morfológica que favorece innovaciones en la locomoción y ha permitido la diversificación de un gran número de linajes de neobatracios en los bosques y selvas. Finalmente analizamos el caso excepcional del dimorfismo sexual en los artroléptidos en los que la longitud del penúltimo dedo de las manos en los machos es exageradamente larga y planteamos la ruptura de una regla que relacionada con funciones no locomotoras. A partir del análisis interespecífico de la variación de la forma y datos del desarrollo señalamos los límites de la variación (constraints), modularidad, homologías, novedades morfológicas y novedades evolutivas.

LA EVOLUCIÓN DE LAS MALEZAS Y SU IMPACTO EN LOS SISTEMAS AGRÍCOLAS ACTUALES

CE Pandolfo, MS Ureta, A Presotto

Dpto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur. CERZOS-CONICET. Bahía Blanca. cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

Las malezas son plantas adaptadas a los ambientes agrícolas que interfieren directa o indirectamente con la producción de cultivos, causando importantes pérdidas económicas en todo el mundo. Desde su advenimiento, la agricultura ha creado nuevos nichos ecológicos en ambientes fuertemente disturbados, desplazando la flora nativa y facilitando el contacto entre especies geográficamente separadas. Esto condujo a la evolución de plantas adaptadas a ambientes profundamente modificados. En numerosos casos las malezas tuvieron una evolución paralela a la de los cultivos, con quienes incluso comparten progenitores. Las complejas relaciones entre las especies domesticadas, sus malezas asociadas y los parientes silvestres involucran procesos de intercambio genético en todos los sentidos. La hibridación entre especies emparentadas es un mecanismo frecuentemente asociado a la generación de variabilidad para el desarrollo de las principales especies cultivadas. Este proceso también ha conducido a la emergencia de nuevas especies invasoras y al aumento de la agresividad de algunas malezas. En otros casos, el proceso inverso a la domesticación, denominado dedomesticación, ha conducido a la aparición de malezas ferales. En los últimos tiempos, el control químico de malezas ha sido la práctica de manejo predominante, pero la creciente aparición de biotipos resistentes amenaza su efectividad. Los herbicidas imponen una extrema presión de selección, dado que están diseñados para remover el 90-99% de la población de malezas. Como resultado, las plantas han evolucionado resistencia a los herbicidas usados comúnmente, y en la actualidad existen más de 251 especies resistentes a herbicidas. En la presente conferencia se abordarán estudios de caso sobre la evolución de malezas, realizados por el grupo de investigación de las cátedras de Producción Vegetal Extensiva y Genética Básica y Aplicada, del Departamento de Agronomía (UNS). Como ejemplo de maleza surgida por presión de selección se expondrá el caso del nabon (*Raphanus sativus*) resistente a herbicidas inhibidores de la enzima AHAS. Con respecto al flujo génico e hibridación cultivo-silvestre se utilizará como modelo al girasol silvestre (*Helianthus annuus*) y al nabo (*Brassica rapa*). Como ejemplo de feralidad se mencionará el escape de colza (*Brassica napus*) con resistencia transgénica a glifosato. Los trabajos llevados a cabo por nuestro grupo de investigación han demostrado la rápida evolución de biotipos de *R. sativus* con resistencia cruzada a herbicidas inhibidores de la enzima AHAS. La secuenciación en el gen de esta enzima confirmó un cambio puntual de aminoácido en las accesiones resistentes. La elevada presión de selección en los lotes en los cuales se originó el problema, sumada a la falta de rotaciones de cultivos y herbicidas llevaron a la dispersión de estos biotipos en todo el sudeste de la provincia de Buenos Aires. El flujo génico entre girasol cultivado y silvestre y entre poblaciones de *B. rapa* y el cultivo de colza fue confirmado mediante distintos métodos como la morfología, la fertilidad masculina, el contenido de ADN y la resistencia a herbicidas, entre otros. El riesgo de impacto ambiental inherente al empleo de variedades de ambos cultivos con resistencia a herbicidas es real, aunque la baja fertilidad de los híbridos podría atenuar el efecto y reducir la dispersión de estos biotipos. Por otra parte, un biotipo agrestal de *H. annuus* ha demostrado una alta capacidad de competencia con los cultivos. Este biotipo presenta evidencias de hibridación con el girasol cultivado, que habrían favorecido su adaptación a los ambientes agrícolas y aumentado su invasividad. Por último, se detectaron poblaciones naturales de *B. napus* y *B. rapa* con resistencia transgénica a glifosato. Este descubrimiento podría sugerir que el carácter provino de cultivos de colza transgénica realizados de manera informal en el país o de individuos ingresados como contaminante de semilla, e involucraría procesos de endo y exoferalidad. La presencia de estas poblaciones presenta un panorama complejo que involucra aspectos de impacto ambiental por la liberación en ambientes naturales del transgen. Estos casos son sólo una muestra de la capacidad adaptativa de las malezas y de cómo la rápida evolución en estas especies presenta un constante desafío a la agricultura moderna.



II RABE 2017

HOMENAJE A “S.J. GOULD”

LAS ENSEÑANZAS DE STEPHEN JAY GOULD: TEORÍAS Y PRÁCTICAS CIENTÍFICASS Benitez-Vieyra¹, A Bonifacio², L Estigarribia¹, A Issaly¹, N Pastor¹, M Pereyra¹, F Sazatornil¹, V Usseglio¹¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET - Universidad Nacional de Córdoba.²Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA), CONICET - FCEFyN, Universidad Nacional de Córdoba.federicosaza@gmail.com

Se nos enseñó, durante mucho tiempo, que la ciencia es eso neutro, que en sí misma no tiene intencionalidades, que está desprendida de intereses económicos y políticos. Se nos inculcó, que lo que hace al y lo científico, es el dato objetivo y allí reside tanto su veracidad como su neutralidad. Consideramos que esta representación estereotipada, arraigada en lo profundo de nuestras concepciones, es errónea. Una de las personas que luchó contra estos y otros prejuicios es Stephen Jay Gould. A lo largo de su obra resalta una visión crítica de la ciencia, que trasciende las discusiones teóricas de diversos temas. En el desarrollo de su teoría evolutiva se opuso a la idea de la selección natural como el único mecanismo explicativo de evolución y en su acción política y académica se enfrentó al determinismo biológico, considerando que este último involucra importantes falacias; el convertir algo abstracto, difícil de cuantificar y determinar, en una entidad medible y en última instancia física y, como consecuencia, ubicarlo en una escala u orden graduado y ascendente. Propuso otra dimensión de análisis del trabajo científico, incorporando el contexto socio-político que lo impregna y explorando la interacción de estos factores y su afectación mutua, teniendo en cuenta que muchas de las transformaciones que éste sufre con el tiempo corresponden a la modificación de los contextos culturales que la influyen. Su postura evidencia una oposición a la idea de neutralidad y cuestiona el abuso de la ciencia como empresa objetiva. Gould abordó desde una mirada compleja y dialéctica no sólo el quehacer científico sino también el impacto social que conlleva la producción de conocimiento y el uso del mismo para justificar políticas racistas, sexistas y otras formas de dominación y opresión. De esta manera, desarrolló y luchó contra la idea de que ciertas características de la cultura y el comportamiento humano, como la delincuencia, violencia, homosexualidad, inteligencia e incluso la pobreza, están determinadas genéticamente y, por lo tanto, son un destino inevitable. Postuló que *“la evolución humana no está gobernada por procesos y fenómenos biológicos, sino más bien por la cultura de las sociedades”* y advirtió sobre la peligrosidad del uso del determinismo biológico (y sus conclusiones) en las políticas sociales. Gould destacó que el científico, como sujeto social, es permeable a su entorno cultural, político y económico y por esto es lícito sospechar que la aparición de la idea de una ciencia neutral, dada la evidente utilidad que presenta para distintos grupos de poder, es una herramienta creada con un propósito dado. Afirmó: *“La capacidad de la ciencia para convertirse en un instrumento de identificación de los condicionamientos culturales que la determinan sólo podrá valorarse plenamente cuando las y los científicos renunciemos al doble mito de la objetividad y de la marcha lineal e inconfundible hacia la verdad.”* Coincidimos que entendiendo y considerando el contexto que nos atraviesa, nos acercaremos a una práctica científica cuya finalidad sea la de contribuir realmente a mejorar nuestra sociedad. A 15 años de su muerte reflexionamos, sobre nuestro accionar como comunidad científica. Vemos que aún rigen lógicas ligadas al determinismo biológico y que aún persiste el peligro de sus conclusiones, que aún quedan mitos que justifican las injusticias contra los que debemos luchar y preguntas que nos debemos, ¿Siguen en vigencia la “neutralidad” y la “objetividad” en nuestras prácticas? ¿Cuál es nuestro papel y responsabilidad en el uso de la ciencia en general y del conocimiento científico en particular? ¿Qué hacemos, como actores sociales con el conocimiento que manejamos? Creemos tener un compromiso con la búsqueda de la verdad mediante una forma de conocer el mundo. Que debemos apropiarnos de los conocimientos que generamos, formar parte de la dirección en la que se utilizan. Compromiso que debe ser respetuoso de otros saberes, de otras formas de conocer, porque la ciencia no es acabada, no es fija y descansa en una cosmología y cosmogonía legitimada, política y económicamente. Proponemos que las bases para una ciencia diferente implican cambios en las bases de la ciencia actual, cambios que nos lleven a una ciencia crítica de sí misma, plural en su visión de la realidad, democrática en su funcionamiento y con sus (nuestros) intereses y esfuerzos en generar conocimiento de manera responsable y que se relacione a las problemáticas de las sociedades que habitamos. Para ello, las y los científicos debemos abrirnos a la sociedad tomando un rol más activo en la divulgación y también en los diversos procesos y luchas que ocurren en las sociedades. Es en este momento es en el cual tomamos conciencia de que, como divulgadores tenemos, un compromiso con nuestra sociedad y con la construcción de la historia en general y la historia de la ciencia, en particular.

STEPHEN JAY GOULD COMO PALEONTÓLOGO

DE Pérez¹, OER Lehmann², IM Soto³.

¹Museo Argentino de Ciencias Naturales Bernardino Rivadavia, Ángel Gallardo 470, CONICET. ²Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Ciencias Geológicas. ³IEGEB-CONICET. trophon@gmail.com

El veinte de mayo de este año se cumplieron quince años de la muerte de Stephen Jay Gould (SJG), figura destacable de la biología evolutiva por sus aportes y críticas a la discusión de la Teoría Evolutiva (TE) y por la dedicación, compromiso y calidad de sus artículos y libros de divulgación. En esta contribución se pretende abordar otro aspecto igualmente importante de carrera científica: su trabajo como paleontólogo y los aportes empíricos en paleontología realizados a lo largo de su vida que recorrieron transversalmente toda su obra. Entre sus primeros artículos científicos (1965–1975) se encuentran análisis sobre patrones macroevolutivos en diversos grupos de taxones fósiles, desde los gastrópodos y bivalvos, con los que hizo sus primeras investigaciones, hasta sinápsidos y mamíferos. Cabe destacar su tesis doctoral, titulada “*Pleistocene and Recent history of the subgenus Poecilozonites (Poecilozonites) (Gastropoda: Pulmonata) in Bermuda: an evolutionary microcosm*”, dirigida por el paleontólogo de invertebrados Norman Newell del American Museum of Natural History de New York. En este trabajo, profundamente paleontológico, SJG produce la revisión sistemática de un grupo de gastrópodos con representantes actuales y fósiles en una región del Caribe, incluyendo la historia geológica de la misma. Además, mediante el análisis cualitativo y cuantitativo de los caracteres morfológicos de estas especies reconstruye y discute su historia evolutiva. Desde 1975 hasta su muerte amplió su horizonte taxonómico, añadiendo estudios sobre braquiópodos, receptaculítidos y la diversidad y disparidad de formas involucradas en la explosión Cámbrica. La labor paleontológica de SJG sobre organismos fósiles lo acompañó en sus aportes de tinte más teórico, proveyéndole de un sustrato empírico sobre el cual fundar sus consideraciones teóricas. Por ejemplo, los trilobites y el tiempo geológico funcionaron como hilo conductor en la elaboración de la Teoría de los Equilibrios Puntuados (TEP). También incluyó variados ejemplos fósiles en su revisión acerca de la biología del desarrollo y la evolución, y discutió diversos ejemplos paleontológicos durante el desarrollo de su mayor trabajo compilatorio, *The Structure of Evolutionary Theory*. A la inversa, también reanalizó un área clásica de la paleontología bajo la óptica de la TE, destacando que la bioestratigrafía como disciplina se valía para operar de los mismos conceptos que planteaba la TEP, aunque sin reconocerlo directamente. La formación en paleontología de SJG siempre se ha considerado como una importante contribución a su visión de la TE. Él mismo se reconocía como un paleontólogo de invertebrados y no cesó de colaborar con trabajos empíricos sobre moluscos hasta el final de su vida. El contenido paleontológico también fue particularmente abundante dentro de sus artículos divulgativos, donde tocó diversos temas y muy variados grupos de organismos fósiles (sumándose a los ya mencionados podemos nombrar los dinosaurios, artrópodos, aves, etc.). Sus aportes a la TE estuvieron profundamente marcados por su formación y sus intereses académicos, pero no se puede dejar de destacar su labor empírica como paleontólogo, inherente al resto de su carrera científica.



II RABE 2017

SIMPOSIOS

SIMPOSIO: BIOTAS Y GEOLOGÍA DEL NEA DURANTE EL CENOZOICO TARDÍO: UNA MIRADA MULTIDISCIPLINARIA

LA EVOLUCIÓN CLIMÁTICA EN EL CUATERNARIO Y SU CORRELATO PALEOAMBIENTAL Y FAUNÍSTICO EN ENTRE RÍOS

BS Ferrero

Laboratorio de Paleontología de Vertebrados. Centro de Investigaciones Científicas y Transferencia de Tecnología a la Producción (CICYTTP- CONICET-UADER- ER), Dr. Materi y España s/n, E3105BWA, Diamante, Entre Ríos, Argentina. brendaferrero@cicytpp.org.ar

Introducción: El Pleistoceno se caracterizó por su inestabilidad climática en donde las épocas glaciales fueron sucedidas por épocas interglaciales en las que el clima fue más templado y produjo deshielo generalizado. La última glaciación sobrevino luego del interglacial Eemiano. Resulta estimulante poder interpretar el hallazgo de fósiles pleistocenos en el marco de los cambios climáticos globales a partir de las evidencias disponibles. El propósito de la presente contribución es realizar una caracterización del clima pleistoceno y analizar el registro de paleovertebrados durante ese período en la provincia de Entre Ríos. El estudio de las asociaciones de vertebrados fósiles pleistocenos, sumado a los estudios geológicos y los datos geocronológicos permitieron realizar inferencias de las condiciones paleoambientales y de depositación de las unidades portadoras y discutir el registro bioestratigráfico dentro de un marco geocronológico.

Resultados y Discusión: La unidad fosilífera pleistocena mejor caracterizada corresponde a la Formación Salto Ander Egg (FSAE) que aflora en el sudoeste de la provincia. La misma yace en discordancia, alternativamente sobre diferentes unidades del Neógeno-Cuaternario. La secuencia completa que representa el último ciclo interglacial-glacial del Pleistoceno tardío del SO de Entre Ríos está constituida por tres subsecuencias de origen fluvial (SS1, SS2 y SS3), y una subsecuencia de sedimentos de origen lagunar, depósitos de corrientes de baja energía pobremente canalizados, cubiertos por un manto de loess (SS4). Estas subsecuencias están separadas por discontinuidades de distintos órdenes de jerarquía evidenciando cambios marcados en las condiciones de energía de la sedimentación y mostrando una tendencia transgresiva durante el MIS5e, una etapa de mar alto durante el MIS5c y un ciclo transgresivo menor durante el MIS3.

Teniendo en cuenta el estudio de las asociaciones de vertebrados, se identificaron dos unidades bioestratigráficas. Una de estas unidades presenta taxones, que actualmente, poseen distribución tropical (e.g. *Pteronura brasiliensis* y *Chelonoidis denticulata*) además de otros de mediano y gran porte típicos del Pleistoceno tardío de Argentina y están asociados a la primera subsecuencia de depositación (SS1) con edades próximas a 120 ka. La segunda unidad bioestratigráfica registra taxones pampeanos típicos del Pleistoceno tardío de Argentina y corresponden a los niveles estratigráficos medios (SS2) de la FSAE (ca. 100 ka) y a los superiores (SS3), datados en ca. 60 ka.

Conclusiones: A partir de un análisis integrado del contenido faunístico de FSAE, de las condiciones paleoambientales de las subsecuencias de depositación y del significado bioestratigráfico de los taxones hallados, en un marco geocronológico sustentado en dataciones, fue posible reconocer la primera asociación de vertebrados para el inicio del Pleistoceno tardío en la Argentina. Dicha asociación faunística aporta evidencias del último interglacial.

Agradecimientos: A los organizadores de la II RABE por la invitación. A E. Brunetto y J.I. Noriega por su colaboración.

SIMPOSIO: BIOTAS Y GEOLOGÍA DEL NEA DURANTE EL CENOZOICO TARDÍO: UNA MIRADA MULTIDISCIPLINARIA

FLORAS DEL CENOZOICO TARDÍO DEL LITORAL ARGENTINO

M Brea

Laboratorio de Paleobotánica. Centro de Investigaciones Científicas y Transferencia de Tecnología a la Producción - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CICYTTP-CONICET), Dr. Materi y España SN, E3105BWA Diamante, Entre Ríos, Argentina. cidmbrea@gmail.com

Las floras fósiles del Litoral argentino son conocidas desde los trabajos pioneros de Félix de Azara y Aimé Bomplant. Luego lo harían Charles Darwin, Alcides D'Orbigny, Auguste Bravard y Joaquín Frenguelli. En las décadas del 70' y 80' comienzan los estudios sobre floras fósiles con los trabajos de Luisa Anzótegui, Silvina Garralla y Alicia Lutz iniciando así las primeras descripciones y listados de taxones. En los últimos 20 años, el Laboratorio de Paleobotánica del CICYTTP-CONICET (Diamante, Entre Ríos), integrado por Alejandro Zucol, Mariana Brea, Esteban Passeggi, M. Jimena Franco, Noelia Patterer, R. Soledad Ramos y Eliana Moya han realizado numerosos trabajos sobre las paleofloras del Cenozoico tardío en las cuencas de los ríos Paraná, Uruguay y Gualeguay en la provincia de Entre Ríos. La unidad sedimentaria marina conocida como Formación Paraná (Mioceno tardío, c. 9,47 Ma) tiene floras preservadas como palinomorfos, fitolitos, impresiones foliares y leños permineralizados. La abundancia de leguminosas, anacardiáceas y palmeras indican la existencia de bosques y sabanas arboladas desarrolladas bajo un clima cálido de húmedo a semi-árido. El Miembro inferior de la Formación Ituzaingó (*sensu* Brunetto) se caracteriza por la abundancia de material silicificado hallado desde las localidades de Toma Vieja hasta Pueblo Brugo. En estos depósitos basales asignados al Mioceno tardío se registran maderas, estípites y cañas de gramíneas. Los ejemplares fueron asignados a las Podocarpaceae, Lauraceae, Polygonaceae, Moraceae, Proteaceae, Celastraceae, Rutaceae, Fabaceae, Anacardiaceae y Poaceae (Bambusoideae). La presencia de Podocarpaceae afines a *Pummopitys* avala la existencia de gimnospermas en el Cenozoico del litoral argentino y la existencia de *Guadua* indicaría que este género tuvo una distribución más amplia en el pasado que en la actualidad. Las asociaciones fitolíticas de la Formación Puerto General Alvear (Plioceno) evidencian la presencia de comunidades de palmeras asociadas a Poaceae de los tipos meso y megatérmicas desarrolladas bajo condiciones climáticas semiáridas. En la Formación San Salvador (Plioceno-Pleistoceno inferior) se destaca la presencia de bosques estratificados y palmares con sotobosque de gramíneas bambusoideas. A partir del análisis de las paleofloras (fitolitos y leños) de la Formación El Palmar (Pleistoceno tardío, c. 80 ka y 88 ka) se infiere un clima tropical-subtropical con la existencia de bosques y palmares, donde las leguminosas, mirtáceas, combretáceas, anacardiáceas y palmeras son sus elementos dominantes. Leños fósiles afines a *Styrax*, *Qualea*, *Abarema* y *Hydrocorea* descriptos en la Formación Arroyo Feliciano refuerzan la idea que la flora Neotropical estaba más extendida hacia el sur durante el Pleistoceno Superior. Las asociaciones fitolíticas descriptas en el loess de la Formación Tezanos Pinto (c. 32 ka y 24 ka) indican la presencia de panicoides, chloridoideas, pooideas y stipoideas junto a palmeras, ciperáceas conformando pastizales megatérmicos con parches de estípites de palmeras y comunidades de pantanos con ciperáceas. Estas asociaciones vegetales caracterizaban la vegetación del UMG (Último Máximo Glacial), en el borde noreste del Sistema Eólico Pampeano. Durante el lapso del Pleistoceno tardío-Holoceno temprano aparecen en la provincia de Entre Ríos las estepas templado-cálidas a templadas secas y/o húmedas junto a sabanas de palmeras.

SIMPOSIO: BIOTAS Y GEOLOGÍA DEL NEA DURANTE EL CENOZOICO TARDÍO: UNA MIRADA MULTIDISCIPLINARIA

APORTES DESDE LA ARQUEOLOGÍA AL CONOCIMIENTO DE LAS POBLACIONES HUMANAS QUE HABITARON LA MARGEN CORRENTINA DE LA LLANURA ALUVIAL DEL PARANÁ MEDIO

MC Barboza, CV Píccoli

Centro de Estudios Interdisciplinarios en Antropología (Facultad de Humanidades y Artes, Universidad Nacional de Rosario). Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
mcbarboza@yahoo.com.

Distintas líneas de evidencias dan cuenta de la existencia de sociedades aborígenes en la llanura aluvial del Paraná Medio, dentro de la margen correspondiente a la actual jurisdicción de la provincia de Corrientes (Argentina). Entre estas, se pueden citar diversas fuentes escritas, análisis demográficos y estudios arqueológicos. Las primeras descripciones de material arqueológico realizadas en la provincia de Corrientes corresponden al sector en que se focaliza este trabajo y fueron efectuadas a fines del siglo XIX y se continuaron en la primer parte del XX.

En lo que respecta a la información que brindan los estudios arqueológicos sobre las sociedades prehispánicas que habitaron el subtramo norte de la llanura aluvial del río Paraná en su curso medio, esta constituye un corpus que se fue nutriendo en relación a diferentes abordajes vinculados a distintos momentos en la investigación disciplinar, diversas perspectivas e intereses. Los primeros estudios se centraron en la realización de adscripciones étnicas, principalmente a partir de las descripciones de los conjuntos cerámicos recuperados durante los trabajos arqueológicos (*e.g.* Ambrosetti 1894). A mediados del siglo XX, las investigaciones se enfocaron en discriminar y establecer áreas culturales y cronologías (*e.g.* Schmitz *et al.* 1972). Hacia finales de dicho siglo y principios de este, los trabajos mostraron una preocupación por la adaptación ambiental del hombre (*e.g.* Rodríguez 1998/1999). A estos se sumarán, en la actualidad, nuevos abordajes (*e.g.* Barboza y Píccoli 2010, Barboza 2014, 2016, Píccoli *et al.* 2011, Píccoli 2014), donde se amplían los ejes de análisis a fin de desentrañar aspectos relacionados con la caracterización de los vestigios materiales recuperados para el establecimiento de cronologías, determinar el contexto paleoambiental durante las ocupaciones humanas conocidas arqueológicamente, desentrañar aspectos vinculados al simbolismo de estos grupos humanos, entre otros.

En el presente trabajo se presenta la información fruto de las actuales investigaciones arqueológicas sobre las sociedades que habitaron el subtramo norte de la llanura aluvial del río Paraná en su curso medio.

SIMPOSIO: BIOTAS Y GEOLOGÍA DEL NEA DURANTE EL CENOZOICO TARDÍO: UNA MIRADA MULTIDISCIPLINARIA

EVOLUCIÓN DE LOS GRANDES RÍOS DEL NEA

O Orfeo^{1,2}

¹Centro de Ecología Aplicada del Litoral (CECOAL-CONICET-UNNE), Corrientes. ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes. oscarorfeo@gmail.com

Introducción: En el nordeste argentino es posible apreciar dos provincias geológicas en franco contraste (Llanura Chaco-Pampeana y Mesopotamia) separadas mediante un límite natural neto (el río Paraná). Pese a las diferencias en sus respectivas historias geológicas, en ambos territorios es posible apreciar y reconstruir una serie de cambios geomorfológicos que a través del tiempo sufrieron las redes de escurrimiento que drenan la región. Esta presentación tiene por objeto revisar algunos conceptos con diversa aplicación en las ciencias ambientales (evolución, cambio, transformación) para explicar las singularidades que dominan los modelos fluviales del área analizada. Se busca encontrar analogías y/o diferencias entre las características evolutivas de los grandes ríos que caracterizan los sitios geológicos comparados

Materiales y Métodos: Se emplearon imágenes satelitales a distintas escalas para identificar los registros morfológicos de origen fluvial en el área analizada, refiriendo las observaciones a los antecedentes geológicos disponibles de campo y laboratorio. Se analizaron los cambios detectados a través del tiempo, comparando al río Paraná, como representativo de la región mesopotámica, con los ríos Bermejo y Pilcomayo, típicos de la llanura chaqueña. Se analizaron las causas de los cambios identificados sobre conceptos teóricos y el reconocimiento de evidencias empíricas.

Resultados y Discusión: Se discuten las causas de los cambios geomorfológicos en términos evolutivos, en relación a los tiempos de reacción que demanda cada sistema ante determinados estímulos externos. De las observaciones realizadas surgen elementos de juicio que permiten segregar momentos de transición de las redes fluviales regionales, vinculados a cambios en las condiciones que regulan las variables ambientales del escurrimiento fluvial. Las causas de los cambios observados son de origen natural y pueden ser interpretadas como etapas de un proceso en desarrollo

Conclusiones: Sobre la base de la información precedente se concluye que la evolución morfológica del río Paraná responde básicamente a causas tectónicas y se produjo como mecanismo adaptativo a los cambios progresivos de las condiciones de escurrimiento, especialmente de la pendiente regional, debido a la basculación de bloques del subsuelo. En cambio las transformaciones observadas en el diseño y ubicación de los ríos Bermejo y Pilcomayo son consecuencia de una intensa movilidad lateral generada por exceso de sedimentos provenientes de la alta cuenca de ambos cursos, que son acumulados masivamente debido al cambio brusco de pendiente al ingresar a la llanura argentina. En una visión aún más amplia, puede asumirse que ambos procesos se desencadenan a partir del levantamiento andino, lo que originó el desarrollo de grandes abanicos aluviales que permanecen activos en la actualidad.

SIMPOSIO

FILOGEOGRAFÍA DE ESPECIES CHACO-PAMPEANAS

Coordinadora: VG Solís Neffa

Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET) – Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE). E-mail: viviana@agr.unne.edu.ar

La región Chaco-Pampeana constituye uno de los espacios silvestres de mayor importancia socio-ambiental de Sudamérica. A pesar de su valor ecosistémico, esta región está escasamente representada en los estudios genéticos en relación a otros biomas sudamericanos. Asimismo, de la misma manera que el resto de Sudamérica, numerosos cambios geomorfológicos y climáticos significativos ocurrieron en la región desde el Mioceno. Estos cambios pudieron impactar en las especies, produciendo una considerable reorganización genética que puede reflejarse en los acervos génicos de las especies modernas. En la actualidad, la región es el escenario de un proceso de cambio de uso de la tierra, generando un importante proceso de transformación del paisaje y una pérdida importante de biodiversidad. En este marco, el conocimiento de la biología evolutiva de los organismos resulta de suma importancia para la identificación de áreas prioritarias para la conservación que contemplen el mantenimiento de la variabilidad genética y los procesos evolutivos que la generan y mantienen. En este simposio se propone integrar la información existente sobre los patrones de diversidad genética de la flora Chaco-Pampeana, los procesos evolutivos que la generaron y la respuesta de las poblaciones a los patrones históricos de cambio ambiental ocurridos en la región.

SIMPOSIO: FILOGEOGRAFÍA DE ESPECIES CHACO-PAMPEANAS

DESENTRAÑANDO LA HISTORIA BIOGEOGRÁFICA DE LA REGIÓN CHAQUEÑA: FILOGEOGRAFÍA Y MODELADO DE NICHOS DE ESPECIES DE PLANTAS ASOCIADAS A LA REGIÓN

MC Acosta^{1,3*}, A Cosacov¹, M Scaldaferrro^{1,3}, D Aguilar^{1,3}, GA Camps², F Chiarini¹, D Alercia¹, M Baranzelli¹, J Frassoni², M Giorgis^{1,3}, D Lopez-Lauenstein², C Vega², A Verga², A Sérsic¹

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV) CONICET – Universidad Nacional de Córdoba. ²Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV-CIAP-INTA). ³Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. *mcacosta@imbiv.unc.edu.ar

Introducción: La región chaqueña se extiende desde el sur de Bolivia, oeste de Paraguay, sur del Brasil hasta el centro-norte de la Argentina. Se caracteriza por la presencia de Bosques secos caducifolios, pero con variadas fisonomías. Estudios biogeográficos y filogeográficos sugieren que la sucesión de períodos secos (períodos glaciares) y húmedos (período interglaciares) ocurridos durante el Pleistoceno habrían afectado la distribución de la flora chaqueña sufriendo procesos de fragmentación, cuellos de botella y expansión que podrían reflejarse en sus acervos genéticos. En el presente proyecto se propone reconstruir la historia evolutiva de la región, por medio de análisis filogeográficos y modelado de nicho de algunas de sus especies representativas con el objetivo de encontrar patrones comunes sea en tiempos de diversificación y distribución de la diversidad genética, como en corrimientos en su distribución geográfica producidos por eventos geológicos y climáticos del pasado.

Materiales y Métodos: Se secuenciaron regiones no codificantes del ADN de cloroplasto de individuos pertenecientes a *Capsicum chacoense*, *Capsicum baccatum*, *Solanum elaeagnifolium*, *Prosopis sp.*, *Bulnesia sarmientoi* y *Sophora linearifolia*, abarcando todo el rango de distribución de cada una. Las relaciones genealógicas de los haplotipos (variantes genéticas) y los patrones espaciales de diversidad genética se analizaron mediante la construcción de redes de haplotipos, árboles filogenéticos, análisis de estructuración espacial y análisis demográficos. Además, se calcularon las edades de divergencia de los clados más importantes. Por último, se llevó a cabo el análisis de modelado de nicho en algunas de las especies estudiadas.

Resultados y Discusión: Los análisis de estructuración espacial y los árboles filogenéticos evidenciaron en la mayoría de las especies dos linajes evolutivos que se correspondieron a lo observado en la red de haplotipos y en la distribución geográfica de los mismos. Si bien no mostraron correspondencia espacial entre las especies, fueron coincidentes en las edades de divergencia. Las divergencias más antiguas ocurrieron alrededor de los 3.5-5 Ma, sincrónicas con el último pulso significativo de la orogenia andina y la formación de la diagonal árida. En tanto que las expansiones demográficas y últimas divergencias de los haplotipos coincidieron especialmente con el proceso de aridización y mayor estacionalidad de la región, ocurrida a comienzos del Pleistoceno como consecuencia de los períodos glaciares. De las especies analizadas, aquellas de hábitat seco presentaron estasis o declinación del tamaño poblacional, mientras que las especies analizadas de ambientes húmedos evidenciaron expansión demográfica, en tiempos más recientes. Los modelados de distribución geográfica bajo escenarios pasados respaldan los patrones filogeográficos obtenidos.

Conclusiones: La formación de la diagonal árida, y los períodos secos propiciados por las glaciaciones pleistocénicas han influido en la demografía de la vegetación de la región chaqueña de manera heterogénea, favoreciendo la diversificación de linajes y produciendo cambios en el tamaño poblacional efectivo.

Agradecimientos: A las siguientes instituciones por financiar este trabajo: CONICET, FONCYT, INTA, CSIRO, MINCYT-Córdoba, SECYT-UNC.

SIMPOSIO: FILOGEOGRAFÍA DE ESPECIES CHACO-PAMPEANAS

IMPACTO DE LOS EVENTOS GEOCLIMÁTICOS DEL NEÓGENO EN LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE ESPECIES CHACO-PAMPEANA: INFERENCIAS A PARTIR DE ESTUDIOS EVOLUTIVOS Y FILOGEOGRÁFICOS EN EN EL COMPLEJO *Turnera sidoides*

VG Solís Neffa, EMS Moreno, IE Kovalsky, EN Paredes, ENA Almirón, JG Seijo
Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET) – Fac. de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura
(UNNE)

Turnera sidoides ($x=7$) es un complejo de hierbas alógamas perennes cuya distribución coincide, en casi toda su extensión, con el Dominio Chaqueño. Presenta gran variabilidad morfológica (cinco subespecies y siete morfotipos) y ecológica, además de una alta incidencia de la poliploidía (desde diploides hasta autooctoploides). Los análisis biogeográficos y citogeográficos desarrollados evidenciaron dos importantes centros de variación, hacia el este y el oeste del área de distribución del complejo. Dichos estudios sugirieron que los eventos geológicos y climáticos históricos ocurridos en el 'Dominio Chaqueño, habrían influido en los actuales patrones de diversificación del complejo. A fin de probar esta hipótesis se realizaron análisis filogeográficos y de reconstrucción de áreas ancestrales. El análisis de la distribución espacial de la variabilidad genética reveló la ocurrencia al menos cuatro centros de variación y dos zonas de contacto. La diversificación de los dos clados principales, uno incluyendo a las poblaciones del oeste de área de *T. sidoides* y el otro las poblaciones del este, habría ocurrido hace 2,11 m.a. La mayor divergencia dentro de dichos clados habría ocurrido entre 1,10 y 1,29 m.a. Los resultados obtenidos sumados a la información previa, sugieren que *T. sidoides* se habría originado hacia el NW de su actual distribución y sustentan la hipótesis de que los eventos geoclimáticos del Neógeno ocurridos en el Dominio Chaqueño habrían influido en la estructuración de la variabilidad genética del complejo. Los patrones detectados sugieren una distribución ancestral continua de los diploides en el arco serrano peripámpasico. Los procesos geomorfológicos y los ciclos de sequía/humedad ocurridos durante el Neógeno, habrían fragmentado el área de los diploides. Las condiciones más estables de valles y laderas habrían constituido refugios para la supervivencia y diferenciación alopátrica de los diploides. Los tetraploides se habrían originado en múltiples eventos de poliploidización, ocupando los ambientes resultantes de los ciclos de expansión/contracción de la vegetación xerofítica/subtropical en la llanura Chaco-Pampeana. Actualmente, los ríos y las características ambientales del área de *T. sidoides* constituyen importantes barreras al flujo génico.

SIMPOSIO: FILOGEOGRAFÍA DE ESPECIES CHACO-PAMPEANAS

PATRONES FILOGEOGRÁFICOS Y ASPECTOS FILOGENÉTICOS DE POBLACIONES DEL TUCO-TUCO CTENOMYS TALARUM DE LA REGIÓN PAMPEANAGP Fernández ¹, CS Carnovale ^{1,2}, MS Mora ^{2,3}

¹Centro de Bioinvestigaciones (CeBio) Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA) - CICBA/ Centro de Investigación y Transferencia CONICET-UNNOBA (CITNOBA). ²CONICET. ³ Universidad Nacional de Mar del Plata (IIMyC, CONICET, UNMdP). gabriela.fernandez@nexo.unnoba.edu.ar

El tuco-tuco *Ctenomys talarum* (tuco-tuco de los talaes) es una de las especies del género con distribución geográfica más amplia, pudiendo ser encontrada en varios puntos dentro de la región pampeana, tanto en los pastizales naturales característicos de las dunas costeras (entre Magdalena y Mar de Cobo, y entre Necochea y el Río Quequén Salado, provincia de Buenos Aires), como en poblaciones continentales inmersas en una matriz agropecuaria, y por lo tanto presentando un alto grado de fragmentación y modificación del hábitat. Probablemente debido a ambos factores (amplia distribución y fragmentación del hábitat) existen grandes lagunas de conocimiento para numerosas poblaciones de ctenómidos que aún no han sido identificadas, desconociéndose tanto su ubicación filogenética y taxonómica, como sus patrones de variación morfológica y genética intraespecífica. Con el objetivo de profundizar en el conocimiento de las especies de ctenómidos de la región pampeana, se llevaron a cabo muestreos en diferentes poblaciones de la provincia de Buenos Aires y La Pampa. A partir de muestras de tejido epitelial se obtuvieron las secuencias para un fragmento de la región control del ADN mitocondrial (400pb). Dichas secuencias se analizaron en un contexto filogenético más amplio comparándolas con secuencias ya publicadas y disponibles en GenBank, correspondientes a diferentes poblaciones de la provincia de La Pampa, centro-oeste, noroeste y región costera de la provincia de la provincia Buenos Aires. Si bien varias de las poblaciones muestreadas fueron atribuidas a poblaciones de *C. talarum* (como las poblaciones de Lincoln y Lago Epecuén, provincia de Buenos Aires), otras mostraron estar filogenéticamente más relacionadas a especies asignadas al grupo mendocinus (poblaciones muestreadas en Parque Luro, provincia de La Pampa). Para aquellas que fueron atribuidas a poblaciones de *C. talarum* se analizaron los patrones de variación genética a nivel geográfico teniendo en cuenta el efecto de potenciales barreras al flujo génico tales como los ríos y las principales discontinuidades del relieve (ej. formaciones serranas que constituyen los Sistemas de Tandilia y Ventania). El patrón general de variación genética mostró una alta diferenciación genética entre las poblaciones estudiadas, así como entre los grupos definidos en base a las barreras geográficas planteadas. La historia demográfica inferida para las poblaciones de *C. talarum* resulta altamente contrastante al comparar regiones costeras y continentales; pese a ello se observa un patrón general de estabilidad demográfica hasta el límite entre Pleistoceno Tardío-Holoceno, y una señal de expansión aproximadamente coincidente con el inicio del Holoceno.

SIMPOSIO: FILOGEOGRAFÍA DE ESPECIES CHACO-PAMPEANAS

EL ROL DE LAS CUENCAS HIDROGRÁFICAS EN LA CONFORMACIÓN DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DEL CARPINCHO, *Hydrochoerus hydrochaeris*JI Túnez^{1,2}¹Grupo de Investigación en Ecología Molecular (GIEM), Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires. ²CONICET. nacho_tunez@yahoo.com.ar

En especies que viven fuertemente asociadas al agua, es de esperarse que el flujo génico dependa de la estructura espacial de las redes fluviales, las cuales determinan la distancia de dispersión y la conectividad entre las poblaciones. La estructura jerárquica de las redes fluviales y las cuencas hidrográficas proporciona un marco espacial natural para analizar los efectos de la dispersión y el consecuente flujo génico en distintas especies asociadas a ambientes acuáticos. El carpincho, *Hydrochoerus hydrochaeris*, es un roedor herbívoro ampliamente distribuido en Sudamérica que vive asociado a humedales. En este trabajo, estudiamos la estructura genética del carpincho en parte de su distribución geográfica en Argentina utilizando un segmento de la región control del ADN mitocondrial que fue amplificada y secuenciada a partir de ADN obtenido de muestras de tejido y heces. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con haplotipos ya disponibles en bases de datos de acceso libre para poblaciones de Paraguay y Venezuela. Estos haplotipos, en conjunto con los obtenidos para las poblaciones de la Argentina, fueron utilizados para realizar Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) jerárquicos con el objetivo de evaluar el rol de las cuencas hidrográficas en la conformación de la estructura genética a escala de grandes cuencas (Orinoco y del Plata) y cuencas menores. Adicionalmente, dos modelos alternativos, Aislamiento por Distancia (APD) y Aislamiento por Resistencia (APR), fueron utilizados para poner a prueba si la distancia genética entre poblaciones está asociada con la distancia Euclidiana (*i.e.* Aislamiento por Distancia) o con la distancia medida a través de los ríos (*i.e.* Aislamiento por Resistencia) a escala de cuencas menores. Analizando un total de 303 individuos, se logró identificar 22 haplotipos diferentes. A escala regional, los resultados del AMOVA en el cual se agrupó las poblaciones según grandes cuencas mostraron diferencias significativas entre ellas. A escala de cuencas menores, se observaron también diferencias significativas entre las sub-cuencas de Paraguay, en conjunto con una correlación significativa entre la distancia genética y la distancia geográfica medida a través de los ríos que conectan las poblaciones. Para Argentina y Venezuela, los resultados fueron no significativos. En conjunto, estos resultados sugieren que en Paraguay, la estructura genética en el carpincho estaría asociada a la estructura de las cuencas hidrográficas. Por el contrario, la estructuración genética limitada en Argentina y Paraguay es probablemente el resultado de inundaciones periódicas que facilitan la dispersión en diferentes direcciones.

SIMPOSIO

MÉTODOS COMPARADOS EN BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Coordinadores: Marcela Moré y Santiago Benitez-Vieyra
more.marce@gmail.com; santiagombv@gmail.com

Los años recientes han sido testigos de una verdadera explosión en el desarrollo y aplicación de los métodos filogenéticos comparativos para responder preguntas biológicas concretas. Estos métodos consisten en enfoques estadísticos para analizar patrones históricos, haciendo uso de información filogenética, ecológica y morfológica. A través de las reconstrucciones ancestrales tanto de nichos ecológicos como de rasgos fenotípicos, es posible reconstruir las condiciones ecológicas que influyeron en los procesos de diversificación biológica en diferentes contextos, la evolución fenotípica, y la puesta a prueba diferentes hipótesis evolutivas. En este simposio se planea abordar diferentes perspectivas que integren algunas de estas propuestas metodológicas recientes.

SIMPOSIO: MÉTODOS COMPARADOS EN BIOLOGÍA EVOLUTIVA

EVOLUCIÓN DE MATRICES DE VARIANZA-COVARIANZA: EL PAPEL DE LAS CONSTRICCIONES EN LOS PROCESOS DE DIVERSIFICACIÓN EN PLANTAS

F Sazatornil¹, I Fragozo-Martinez², S Benitez-Vieyra¹.Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral. ¹ Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV-CONICET), Córdoba, Argentina. ² Instituto de Biología, Universidad Autónoma de México (UNAM).federicosaza@gmail.com

La evolución de los organismos no puede ser comprendida a través del estudio sus rasgos en forma independiente, ya que sus rasgos se encuentran integrados a nivel genético, de desarrollo y funcional. Las matrices de varianza-covarianza G y P resumen los patrones de covariación genética y fenotípica, respectivamente. Su estudio es fundamental para entender las respuestas evolutivas a la selección natural y los límites de dichas respuestas dados por restricciones genéticas o del desarrollo, limitando o facilitando la evolución a lo largo de ciertas direcciones en el morfoespacio. En general las comparaciones entre especies utilizando métodos comparativos filogenéticos no analizan los patrones de covariación intraespecíficos. Por el contrario las comparaciones entre especies se limitan habitualmente a los valores medios de diferentes rasgos. La comparación de patrones de asociación de rasgos entre especies, en un contexto filogenético, nos ayuda a entender cómo éstas asociaciones sesgan la dirección y velocidad del cambio evolutivo, y cómo evolucionan estas restricciones. Estas comparaciones pueden realizarse en grupos de angiospermas con sistemas de polinización diversificados. Entre éstos se encuentra el subgénero *Calosphace*, que involucra las especies neotropicales de *Salvia* y constituye un clado monofilético. Este clado presenta dos síndromes de polinización contrastantes: especies polinizadas por himenópteros (melitófilas) y por colibríes (ornitófilas). Al respecto se especula que la ornitofilia ha evolucionado repetidas veces a partir de la melitofilia en este clado, promoviendo modificaciones en la arquitectura floral asociadas a transiciones en el síndrome de polinización, como adaptación a la polinización por aves. En el presente trabajo estudiamos la evolución de la forma floral en 43 especies del género *Salvia*, en un contexto filogenético, utilizando morfometría geométrica desde dos perspectivas; 1) construyendo mediante análisis de componentes principales (PCA) un morfoespacio de las formas consenso de cada especie y 2) construyendo un espacio de las matrices P utilizando Análisis de Coordenadas Principales (PCoA) sobre la matriz de distancias Reimannianas entre especies. Sobre ambos espacios proyectamos la filogenia y la reconstrucción de los estados ancestrales. De esta manera, con estimadores del tiempo de divergencia analizamos si grandes diferencias fenotípicas se corresponden con largos periodos de tiempo o si la diferenciación ocurrió recientemente. Si bien los patrones de diferencias entre formas consenso y entre matrices P se observan similares, nos hablan de diferentes procesos: en el primer caso, la respuesta del fenotipo a entornos selectivos contrastantes impuestos por los diferentes gremios de polinizadores. Y en el segundo, el cambio mismo de las restricciones (representadas por las matrices P) en respuestas a la selección ejercida por los polinizadores. En ambos análisis, el primer eje de variación se relaciona con las diferencias en síndromes de polinización. Es decir, en la transición de melitofilia a ornitofilia, hubo cambios en la forma floral y en los patrones de correlación que la definen. Sin embargo el resultado de la selección natural mediada por polinizadores es diferente en ambos espacios ya que el primer eje de variación explica el 52% de la divergencia en la forma consenso, pero solamente el 10% de la divergencia entre matrices P. Al analizar el morfoespacio de la forma consenso observamos un gran grupo de especies con formas similares de ambos síndromes y grupos menores de especies de formas raras, lo que nos habla de respuestas diferentes ante presiones selectivas similares, tanto en especies melitófilas como ornitófilas. En el caso del espacio de las matrices P, el primer eje muestra que la selección mediada por polinizadores modifica las restricciones a la evolución del fenotipo floral. Al proyectar el árbol filogenético en ambos espacios observamos que las especies ubicadas en el eje de mayor variación asociado a diferencias en el síndrome de polinización tienen poco tiempo de divergencia entre ellas, a pesar de que, comparativamente las diferencias sean muy grandes sin embargo, aquellas especies de formas raras se han diferenciado tempranamente. Este patrón sugiere que las matrices no presentan limitaciones fuertes para cambiar su estructura ante las presiones selectivas de los polinizadores. Además, otros factores como la deriva génica generan cambios estructurales que sostenidos en el tiempo, podrían ser responsables de las divergencias en los otros ejes de variación, dando como resultado la gran diversidad actual de formas presentes en *Salvia*.

SIMPOSIO: MÉTODOS COMPARADOS EN BIOLOGÍA EVOLUTIVA

MÉTODO COMPARATIVO Y DATOS PALEONTOLÓGICOS EN EL ESTUDIO DE LA RADIACIÓN EVOLUTIVA DE LOS PRIMATES HOMINOIDEOS

G Rocatti¹, A Strauss², SI Perez¹¹CONICET, División Antropología (FCNyM-UNLP). ²Departamento de Genética e Biología Evolutiva (USP)

Introducción. A lo largo de su historia evolutiva los primates hominoideos se han diversificado en su tamaño y forma craneofacial. Dentro de este clado, los humanos se han diferenciado de manera considerable del resto de las especies. La investigación de esta diferenciación y de los factores ecológicos responsables de la misma ha sido una cuestión central en los estudios paleoantropológicos en las últimas décadas. En esta presentación abordaremos este problema mediante el análisis de muestras actuales y fósiles de Hominoidea.

Materiales y Métodos. Los cambios en tamaño y forma del cráneo se estudiaron mediante el empleo de técnicas de la morfometría geométrica. En particular, en el presente trabajo examinamos la variación morfológica craneofacial utilizando 53 *landmarks* registrados sobre superficies craneanas en formato *.ply* obtenidas a partir de tomografías computarizadas. Los *landmarks* fueron alineados mediante un Análisis Generalizado Procrustes para obtener variables de forma. La variación en forma entre especies se exploró a partir de análisis de Componentes Principales. Los componentes principales fueron empleados para mapear y explorar los cambios morfológicos sobre un árbol filogenético de las especies actuales empleando métodos comparativos filogenéticos. En particular se exploraron los cambios temporales en el patrón de diversificación con la técnica de DTT (*disparity through time*) plots y mapeamiento de caracteres sobre un árbol. Para la realización de los análisis se utilizó el software R.

Resultados y Discusión. El ordenamiento de los componentes principales obtenido muestra una gran variación morfológica dentro del clado, especialmente en la protrusión de la región maxilar, en el tamaño orbital y en la forma de la bóveda craneana. Los análisis comparativos filogenéticos empleando especies actuales sugieren que la disparidad en el clado Hominoidea cambió de manera proporcional a la filogenia hasta aproximadamente 3.5 millones de años atrás. Para este momento, el mapeamiento de caracteres sugiere una diferenciación de *Homo* y *Gorilla* en el subclado Hominidae. Morfológicamente estos cambios se relacionan con variaciones en la flexión de la base del cráneo y en la región facial principalmente. La incorporación de datos fósiles en los análisis morfométricos y comparativos permite determinar con mayor precisión el momento en el cual se produjeron estos cambios morfológicos, entre 1 y 2 millones de años atrás. Estas diferencias temporales afectan de manera directa las interpretaciones acerca de los factores ecológicos responsables de la diferenciación del género *Homo* del resto del clado.

Conclusiones. Los resultados aquí obtenidos remarcan la importancia de incorporar los datos de especies fósiles en los estudios evolutivos y de diversificación de clados, mostrando que los análisis comparativos filogenéticos de especies actuales constituyen solamente una primera aproximación a estos problemas.

Agradecimientos. Agradecemos a los organizadores del simposio "Métodos Comparados en Biología Evolutiva" por invitarnos amablemente a participar del mismo.

SIMPOSIO

EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN ANIMALES: INTEGRACIÓN DE CASOS DE ESTUDIO EN INSECTOS, PECES Y MAMÍFEROS

Coordinadora: Cecilia. Lanzone

El ADN del núcleo eucariota está dividido en pequeñas dobles hélices de diferente longitud, cuyo número varía entre taxones. Estas cadenas de ADN se asocian con proteínas para compactarse y permitir la división celular, formando los cromosomas. En general, los cromosomas pueden clasificarse en tres grupos. Los sexuales concentran genes determinantes del sexo del individuo. Los autosomas son los que poseen el resto de los genes para un desarrollo y vida normales. Los cromosomas B son dispensables, y se los ha considerado generalmente como desfavorables. Estos tres tipos de cromosomas fueron descritos en una amplia variedad de animales y plantas. En esta mesa redonda se describen analíticamente ejemplos de variaciones cromosómicas en diferentes grupos de animales para entender sus modos de evolución. Uno de los grupos estudiados corresponde a especies de ortópteros sudamericanos, los cuales son muy numerosos y presentan diversos casos de especies cromosómicamente variables. También se expondrán datos en citogenética y evolución cariotípica de peces neotropicales, incluyendo ejemplos que abordan distintos aspectos relacionados con los tipos de cromosomas mencionados anteriormente. Por último se describirán ejemplos en roedores de las familias Sigmodontinae y Ctenomyidae, los cuales son predominantes en Sudamérica y poseen mucha diversidad cariotípica. El análisis integrado de los casos estudiados muestra que estos grupos de animales poseen similitudes características relacionadas a cada tipo de cromosoma considerado, como también particularidades determinadas por cada sistema biológico. Asimismo, los datos permiten concluir que los cromosomas han tenido un rol importante en la diversificación de cada uno de los grupos analizados.

SIMPOSIO: EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN ANIMALES: INTEGRACIÓN DE CASOS DE ESTUDIO EN INSECTOS, PECES Y MAMÍFEROS

EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN TUCURAS SUDAMERICANAS (ORTHOPTERA: ACRIDIDAE: MELANOPLINAE): DIFERENTES FORMAS DE TENER SEXO, MEIOSIS Y RECOMBINACIÓN

ER Castillo¹, A Taffarel¹, OM Palacios-Gimenez², DC Cabral-de-Mello², DA Martí¹

¹Laboratorio de Genética Evolutiva. Instituto de Biología Subtropical (IBS) CONICET-UNaM. FCEQyN, Félix de Azara 1552, Piso 6°. CP3300. Posadas, Misiones, Argentina. ²UNESP - Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências/IB, Departamento de Biologia, Rio Claro/SP, Brazil.

E-mail: castillo.eliorodrigo@gmail.com

Los Acrididos muestran una estabilidad cariotípica aparente, donde la mayoría de las especies exhiben un cariotipo estándar $2n=23\sigma/24\varphi$; $FN=23/24$ (probablemente ancestral), con cromosomas acro/telocéntricos, y un mecanismo cromosómico de determinación sexual $X0\sigma/XX\varphi$. Sin embargo, modificaciones estructurales evolutivas ocurrieron en dicho cariotipo ancestral a lo largo de su historia, debido a diferentes tipos de mutaciones cromosómicas. De este modo, existen casos de reducciones en el número cromosómico ($2n$) estándar sin variaciones morfológicas en los cromosomas (probablemente debida a fusiones en tándem i.e. *Dichroplus pratensis*). Así mismo, se observan reducciones en el $2n$ sin cambios en el número fundamental, producto de fusiones céntricas, que se manifiestan como diferencias interespecíficas establecidas (involucrando autosomas y/o cromosomas sexuales). Más aún, variaciones intraespecíficas debido a polimorfismos para fusiones céntricas (i.e. *D. pratensis*, *D. fuscus*) o inversiones pericéntricas (i.e. *Trimerotropis* spp), son importantes fuentes de variación cromosómica en las poblaciones naturales. En Acrididae, se observa una tendencia al establecimiento de las fusiones céntricas en los cariotipos de clados exclusivos. Un importante número de especies de melanoplinos soportan esta hipótesis, exhibiendo cariotipos derivados y neo-cromosomas sexuales. Uno de los componentes más importantes de variación cromosómica en Acrididae es la presencia de los neo-sistemas cromosómicos de determinación sexual (neo-SCDS), los cuales surgieron independientemente a partir del sistema estándar $X0/XX$ en diversos linajes. En este sentido, los Melanoplinae Neotropicales son modelos ideales para el estudio de la evolución de los cromosomas sexuales, debido a que se conoce una alta frecuencia de especies portadoras de neo-cromosomas sexuales en diferentes estadios evolutivos; las diferentes etapas evolutivas se identifican por sus propiedades citogenéticas particulares. Así, los neo-cromosomas sexuales de origen reciente estarían representados por un par sexual que conserva la mayor parte de la homología, habilidad sináptica y la posibilidad de recombinar a lo largo del autosoma fusionado (XR) y su homólogo, el neo-Y (e.g. *Oedaleonotus enigma*). En el otro extremo del espectro citogenético, se observa una pérdida casi completa de homología entre el Y y el brazo XR, evidenciada por una región sináptica reducida, asociación meiótica distal exclusiva, acumulación de secuencias repetitivas heterocromáticas en el neo-Y y, eventualmente, la posibilidad de fijar rearrreglos estructurales complejos (e.g. *Ronderosia bergii*). Entre estos dos extremos se observa un espectro continuo de diferentes estados evolutivos en los neo-cromosomas sexuales, e.g. *Dichroplus obscurus*, *Ronderosia forcipata*, *Atrachelacris unicolor*, *Eurotettix minor*. Si bien en términos generales se propone un mecanismo similar para explicar el origen de los neo-SCDS observados, diferentes pares autosómicos estarían involucrados, al menos a nivel de género. Más aún, existen ejemplos de neo-SCDS de origen complejo (evolutivamente avanzados), como se observa en *Dichroplus silveiraguidoi*, *D. vittatus*, *D. maculipennis* y *Boliviacris noroestensis*. Con un nivel de complejidad mayor, un sistema cromosómico neo-XY puede experimentar una conversión a un sistema múltiple del tipo $X1X2Y$, a través de una fusión Y-autosoma, si un segundo par autosómico acro/telocéntrico se encuentra disponible para ser incorporado al mecanismo que determina el sexo. Aunque menos frecuente que los típicos neo-XY, la mayoría de estos sistemas múltiples corresponden a especies Neotropicales de distribución restringida (e.g. *Dichromatos lilloanus*). La evidencia citogenética sugiere que la sustitución de $X0-XX$ por $XY-XX$ fue favorecida repetidas veces en Melanoplinae Neotropicales. Diferente a otros grupos de insectos, poco se conoce a cerca del mecanismo que determina el sexo en Orthoptera y a pesar de los estudios descriptivos de cromosomas neo-XY en Melanoplinae, no se comprende aún su significado en términos evolutivos y su papel en la determinación del sexo, que sigue siendo un misterio en este grupo de insectos.

SIMPOSIO: EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN ANIMALES: INTEGRACIÓN DE CASOS DE ESTUDIO EN INSECTOS, PECES Y MAMÍFEROS

CONTRIBUCIONES DE LA CITOGENÉTICA DE PECES NEOTROPICALES AL CONOCIMIENTO DE LOS SISTEMAS CROMOSÓMICOS

AS Fenocchio, J Caffetti, G Furnus, E García, F Leveroni, M Maldonado, K Sánchez, U Pioli, A Rau, H Roncati, C Pastori

Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNaM. Instituto de Biología Subtropical (IBS- UNaM- CONICET). E-mail: afenocch@fceqyn.unam.edu.ar

La fauna íctica representa un grupo de alrededor de 25.000 especies distribuidas en todos los ambientes acuáticos del mundo. En la Región Neotropical esta fauna, si bien está en un activo proceso de estudio, se supone podría incluir unas 8.000 especies de las cuales solamente una fracción de menos del 20% ha sido objeto de algún abordaje citogenético. Desde el momento en que comenzaron a ser estudiados, hace menos de 50 años, fue evidente que la enorme diversidad específica de este grupo de vertebrados estaba acompañada por una marcada diversidad cariotípica. Este hecho permitió que surjan ejemplos en los que los sistemas cromosómicos muestran heteromorfismos y/o polimorfismos que se manifiestan en la presencia de complementos cromosómicos con distintas fórmulas cariotípicas asociadas a cambios estructurales y/o numéricos. También han sido puestos de manifiesto sistemas de determinación cromosómica del sexo tanto de tipo simple y múltiple, ya sea con heterogamia femenina o masculina. Adicionalmente a todas las variaciones de los “subsistemas” de cromosomas autosómicos y sexuales, existen ejemplos de diversos casos de cromosomas supernumerarios o Bs. En nuestro país los conocimientos sobre esta fauna aún son escasos, pero aún así, hay evidencias que los peces pueden ser considerados como verdaderos “laboratorios vivos” para los experimentos que realiza la naturaleza a partir de los cromosomas.

Colaboradores: Universidad Nacional del Nordeste, Universidad Nacional de Córdoba, Universidade Estadual de Londrina, Universidade Estadual de Maringá, Universidade Federal do Paraná. Proyecto de Biología Pesquera Regional, Centro de Investigación Antonia Ramos, Entidad Binacional Yacyretá, Ministerio de Ecología y Recursos Naturales Renovables de la Provincia de Misiones.

SIMPOSIO: EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN ANIMALES: INTEGRACIÓN DE CASOS DE ESTUDIO EN INSECTOS, PECES Y MAMÍFEROS**VARIABILIDAD CROMOSÓMICA EN ROEDORES SUDAMERICANOS**

C Lanzone¹, CA Labaroni¹, LM Buschiazzi¹, F Da Rosa¹, DA Caraballo², S Rossi², AD Bolzán³, P Suárez¹, A Ojeda⁴, RA Ojeda⁴.

¹Laboratorio de Genética Evolutiva, FCEQyN, IBS CONICET-UNaM. ²Laboratorio de Fisiología y Biología Molecular, FCEN, UBA, IFIBYNE-CONICET, Buenos Aires, Argentina. ³Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, IMBICE (CICPBA-UNLP-CONICET), La Plata, Argentina. ⁴Grupo de Investigaciones de la Biodiversidad, IADIZA, CCT-Mendoza, Argentina. E-mail: celanzone@yahoo.com

Los roedores poseen distribución mundial y son los mamíferos más diversificados de la fauna actual. En América del Sur hay dos linajes principales en cuanto a número de especies, distribución y abundancia en ambientes naturales: los de la subfamilia Sigmodontinae y los de la superfamilia Octodontoidea. Ambos grupos poseen antigüedad y orígenes diferentes, y su taxonomía y sistemática son objeto de continuas revisiones y debates. En este trabajo se analiza parte de la variabilidad cromosómica de ambos linajes, en un contexto taxonómico y filogenético con técnicas de citogenética clásica y molecular, para contribuir a entender su evolución. En sigmodontinos, si bien se han detectado múltiples variaciones cromosómicas, en general se han observado muchas regiones sinténicas conservadas. En ambos linajes, el cariotipo es especie específico, aunque hay grupos de especies con cariotipos similares. Adicionalmente, algunas poblaciones poseen complementos cromosómicos muy variables como en los sigmodontinos *Eligmodontia puelurus* y *Graomys griseoflavus*. Por su parte, dentro de los octodontoidea del género *Ctenomys*, el "grupo Corrientes" corresponde a una serie de poblaciones estrechamente relacionadas de alta variabilidad cromosómica. En estos linajes, los rearrreglos predominantes son los Robertsonianos, aunque también se han detectado otros tipos de reordenamientos. En varias especies, los rearrreglos autosómicos carecen de las regiones teloméricas internas características de las fusiones estrictas de origen reciente, indicando un patrón común en su evolución cromosómica.

En mamíferos, el sistema de cromosomas sexuales es generalmente muy estable y del tipo XX/XY. Si bien son conocidos varios síndromes causados por la desviación de este patrón, algunas especies presentan esas variaciones sin acarrear problemas de fertilidad y/o viabilidad. *Salinomys delicatus* es una especie de sigmodontino especializada al desierto y representa uno de los pocos casos de cromosomas sexuales múltiples estables en poblaciones naturales del tipo XX/XY1Y2. Por otro lado, la descripción de hembras XY en varias especies de *Akodon*, sin una estrecha relación filogenética, sugiere que esta característica se habría generado de modo convergente varias veces.

A diferencia de los cromosomas descritos anteriormente, los cromosomas B no están en todos los individuos de una especie, son dispensables para la vida de los individuos y son altamente variables, tanto en su tamaño, como en su estructura, composición y comportamiento. En sigmodontinos se describieron especies con cromosomas B, como por ejemplo en el sigmodontino *Akodon montensis* que presenta un B activo transcripcionalmente que no posee homología con ningún otro elemento del complemento, con la posible excepción del Y con el cual no pudo ser testeada. En los *Ctenomys* del grupo Corrientes, también fue descrita la ocurrencia de cromosomas B, pero su presencia no pudo ser confirmada por nuestros estudios. En general los resultados aportan información sobre la gran variabilidad cromosómica observada en los roedores sudamericanos y sustentan su importante rol en la diversificación del grupo.

Agradecimientos: Parcialmente financiado por PIP-CONICET 1122015 0100258 CO y PIP-CONICET 0182



II RABE 2017

COMUNICACIONES LIBRES “MACROEVOLUCIÓN Y MICROEVOLUCIÓN”

DIFERENCIACIÓN GENÉTICA DE *Prosopis chilensis* (MOLINA) STUNTZ ENMEND. BURKART (FABACEAE) EN SU RANGO DE DISTRIBUCIÓN

DL Aguilar¹, MC Acosta¹, A Verga², D Lopez-Lauenstein², A Cosacov¹

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral, Universidad Nacional de Córdoba. ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA).

aguilar.dana@gmail.com

Introducción: El género *Prosopis* (Fabaceae) es un componente estructural clave de las regiones áridas y semiáridas de Sudamérica. El Gran Chaco Americano (GCA) constituye su principal centro de diversidad. Allí se encuentra el mayor número de endemismos y sus especies se distribuyen prácticamente en todos los ambientes de esta gran región fitogeográfica. En Argentina, el acelerado e incontrolado uso de este recurso nativo a fin de obtener madera junto a la expansión de la frontera agrícola han generado la pérdida de extensos bosques de este género. Dado que la totalidad de la madera de algarrobo consumida proviene de bosques nativos, la explotación de este recurso es insostenible no sólo desde el punto de vista ambiental sino también económico. Un proyecto de relevamiento y conservación del complejo de algarrobos arbóreos en la región fitogeográfica del GCA reconoce que la especie *P. chilensis* posee una distribución disyunta y reporta variabilidad intraespecífica a partir de datos morfológicos, reconociendo un morfotipo boliviano y otro argentino. No obstante, el análisis de caracteres morfológicos tiene la desventaja de su limitada utilidad en la descripción de taxa cercanamente emparentados, situación que refuerza la importancia de utilizar caracteres moleculares para entender las relaciones entre taxa de un nivel específico.

Materiales y Métodos: en el presente trabajo se analizó si los morfotipos reconocidos en *P. chilensis* constituyen linajes genéticos diferentes mediante el análisis de un marcador molecular de ADN cloroplastidial (*ndhF-rpL32*) y uno de ADN nuclear (*ITS1*, *5.8S*, *ITS2*) en individuos procedentes de sitios representativos del área de distribución de dicha especie. Con el primer marcador se reconstruyeron las relaciones genealógicas entre haplotipos, se analizó su estructuración poblacional y se infirieron procesos demográficos que habrían moldeado la distribución espacial de los linajes. Con ambos marcadores se estimaron los tiempos de divergencia utilizando registros paleobotánicos para el género y nodos datados a partir de evidencia fósil para especies pertenecientes a la subfamilia *Mimosoideae*.

Resultados y Discusión: a partir de las 52 secuencias obtenidas de ADN cloroplastidial se identificaron 8 haplotipos con bajos niveles de diferenciación genética y se reconocieron 2 grupos genéticos cuyos centros geográficos corresponden a las dos áreas disyuntas reportadas para la especie. La divergencia datada para la especie *P. chilensis* habría ocurrido en el Mioceno tardío hace unos 7-4 Ma y la diferenciación de los linajes actuales habría ocurrido a inicios del Pleistoceno hace aproximadamente 1,82 Ma. Estos procesos podrían estar temporalmente asociados a distintas fases de la orogenia andina y a distintas glaciaciones que produjeron un aumento de aridización en la región. Los análisis demográficos sugieren que los dos filogrupos habrían experimentado una expansión en tiempos evolutivos más recientes que habría comenzado hace aproximadamente 2,5 millones de años hasta un estasis poblacional hace aproximadamente unos 300-500 mil años.

Conclusión: ambos filogrupos constituirían dos linajes evolutivos independientes, aunque con cierto grado de introgresión y flujo génico. De acuerdo al concepto morfológico y evolutivo de especie, al presentar diferencias genéticas (reportadas en este estudio), divergencias morfológicas significativas y una distribución disyunta para los filogrupos boliviano y argentino, éstos se podrían considerar dos unidades taxonómicas diferentes.

Agradecimientos: A las siguientes instituciones por financiar este trabajo: CONICET, CSIRO, INTA, FONCYT y GRFT-MINCYT Córdoba.

PATRONES FILOGEOGRÁFICOS DE *Sophora linearifolia* (FABACEAE) UNA ESPECIE ENDÉMICA DE LAS SIERRAS DE CÓRDOBA Y SAN LUIS

D Alercia¹, DL Aguilar¹, M Giorgis¹, Funes G¹, A Cosacov¹

¹ Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, CONICET-UNC. dalercia@gmail.com

Introducción: Las sierras de Córdoba y San Luis albergan una gran riqueza de taxones endémicos, y una fracción considerable de ellos muestran un rango geográfico disyunto entre ambas serranías. Hasta la fecha no hay estudios que permitan inferir procesos históricos asociados a este patrón biogeográfico. *S. linearifolia* es una de las especies endémicas que actualmente representa este patrón de distribución.

Materiales y Métodos: A partir de poblaciones localizadas en las Sierras Chicas y Cumbres de Gaspar en Córdoba y SE de las Sierras de San Luis, comparamos su rango actual con distribuciones potenciales modeladas para escenarios hipotéticos del pasado y futuro. También, analizamos la variabilidad y la estructura filogeográfica de tres marcadores genéticos (dos regiones de cloroplasto y una nuclear) y reconstruimos las relaciones genealógicas entre los haplotipos hallados. Por último, una aproximación bayesiana fue usada para estimar las posibles áreas ancestrales de las poblaciones actuales y para datar los eventos de divergencia entre los clados identificados.

Resultados y Discusión: Durante el LGM se observan áreas favorables para la especie en pisos altitudinales bajos, mostrando una continuidad entre las Sierras de Córdoba y San Luis. Sin embargo, hacia el presente las zonas favorables parecieran restringirse a los pisos altitudinales mayores a los 900 msnm, mostrando una distribución de las áreas favorables disyunta entre ambas sierras. Las áreas actualmente ocupadas coinciden con las áreas de máxima probabilidad de ocurrencia bajo ambos escenarios modelados. Existe un bajo nivel de diferenciación genética entre los haplotipos, donde todos ellos tienen una distribución restringida, encontrándose filogrupos con distribución alopátrica en Sierras Chicas, Cumbres de Gaspar y San Luis. Los clados de las sierras de Córdoba forman un grupo parafilético, sugiriendo dos eventos de colonización independientes. La diferenciación de los linajes actuales habría ocurrido durante el Pleistoceno hace 1,9 Ma a partir de un área ancestral en las sierras de San Luis, pudiendo estar asociado a las últimas manifestaciones de la Orogenia Andina en las sierras Pampeanas. La diversificación dentro de cada filogrupo parece haber ocurrido durante los últimos 0,6 Ma.

Conclusiones: *Sophora linearifolia* aparece como un endemismo de reciente aparición en las sierras centrales de Argentina, en donde los eventos tectónicos ocurridos hacen unos 2 Ma., habrían favorecido su especiación. Durante el LGM, y quizás también durante otros periodos glaciarios como la GGP, habría ocurrido la dispersión desde las Sierras de San Luis hacia las Sierras de Córdoba ya que en los ciclos fríos los pisos altitudinales más bajos habrían sido favorables para la especie, como lo sugieren los modelados de distribución espacial obtenidos.

Agradecimientos: A Luciana Caeiro por su ayuda en el trabajo de laboratorio.

LA ZONA DE TRANSICIÓN SUDAMERICANA COMO LABORATORIO DE PROCESOS EVOLUTIVOS: DESAFIANDO LOS DÉFICITS DARWINIANO, WALLACEANO Y LINNEANO

LD Amarilla^{1,2}, L Galetto^{1,2}, E Rodríguez¹, P Zazú¹, L Caeiro², AM Anton^{2,3}

¹Cátedra de Diversidad Biológica III, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba (UNC). ²Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (UNC-CONICET). Centro de Investigación y Transferencia Santiago del Estero (UNSE-CONICET). amarillaleonardo@conicet.gov.ar.

En Sudamérica el conocimiento sobre la diversidad florística sigue siendo insuficiente y plagado por los denominados déficits darwiniano, wallaceano y linneano. El primer déficit se refiere al desconocimiento de las relaciones filogenéticas entre los taxones, el segundo a que se desconoce la distribución geográfica completa para la mayoría de los taxones conocidos, y el tercero a que muchas especies aún no fueron descubiertas o formalmente nombradas. La Zona de Transición Sudamericana (SATZ) es un área biogeográfica en la que la orogenia (elevación de los Andes), los eventos climáticos (aridificación) del Mioceno medio, los ciclos de glaciación del cuaternario y algunas variables climáticas del presente, tuvieron y tienen un impacto importante en la historia evolutiva de su flora. Con la finalidad de evaluar procesos (históricos y contemporáneos) y patrones (actuales) tales como el flujo génico, la estructuración poblacional, la distribución real y potencial de las especies, la especiación insipiente y la existencia de especies crípticas en la SATZ, seleccionamos dos especies hermanas de *Munroa* (Poaceae) que habitan en esta área desde el cuaternario temprano. Con este estudio pretendemos contribuir al conocimiento de la historia evolutiva de *M. argentina* y *M. andina* y así, a la disminución de los déficits darwiniano, wallaceano y linneano.

Incluimos 300 individuos de 45 localidades que cubren la distribución completa de ambas especies. A partir de dos regiones de ADN cloroplastial (cpDNA) y seis combinaciones de cebadores para marcadores tipo AFLP (polimorfismos de longitud de fragmentos amplificados) desarrollamos filogenias tiempo-calibradas, análisis poblacionales, demográficos, filogeográficos y de delimitación de especies filogenéticas. Sobre la base de datos morfológicos y de variables climáticas, y considerando señal filogenética, evaluamos eventos de especiación insipiente y el grado de diferenciación morfológica de las poblaciones mediante análisis estadísticos multivariados. Además analizamos la distribución real y potencial de las especies mediante modelado de nicho climático.

Los análisis filogenéticos y poblacionales identificaron filogrupos que se corresponden con tres subregiones dentro de la SATZ (Puna, Prepuna, Monte). La estimación de filogenias tiempo-calibradas sugiere que *M. andina* y *M. argentina* han habitado la SATZ desde aproximadamente cinco (5) millones de años. Los paleomodelos y modelos de distribución actual sugieren que estas especies habitaron la SATZ durante el período interglacial, el último máximo glacial y el presente, con fluctuaciones considerables en la distribución potencial. La estructuración y diferenciación poblacional es profunda en la mayoría de los filogrupos y se debería a la huella histórica de las fluctuaciones en la distribución potencial y/o, a la asincrónica de la anthesis en las diferentes subregiones antes mencionadas. En *M. argentina* se advierte diferenciación morfológica en al menos dos filogrupos. En *M. andina* la estructuración poblacional profunda no se corresponde con una diferenciación morfológica significativa. Reportamos evidencia molecular y morfológica para considerar la existencia de al menos dos subespecies geográficas en *M. argentina* y discutimos la posible segregación en dos especies filogenéticas. Reportamos evidencia similar para advertir que *M. andina* atraviesa un proceso de especiación insipiente y discutimos la posibilidad de la existencia de especies crípticas. A partir una revisión bibliográfica exhaustiva y del estudio de casos aquí presentado advertimos que la diversidad alfa, beta y gamma de la SATZ está subestimada, que los déficits darwiniano, wallaceano y linneano deben ser atendidos, y que la taxonomía alfa continúa siendo necesaria para resolver y/o mitigar estos déficits.

Agradecemos a la Secretaría de Ciencia y Tecnología de la Universidad Nacional de Córdoba (SECyT-UNC), al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y a la Agencia Nacional de Promoción de Ciencia y Tecnología (ANPCyT) por el financiamiento otorgado.

VALOR SISTEMÁTICO Y EVOLUTIVO DE CARACTERES MORFOLÓGICOS EN *Stenocephalum* Sch.Bip.: UNA PERCEPCIÓN DE LAS RELACIONES EVOLUTIVAS EN LA SUBTRIBU Lepidaploinae (Vernonieae, Asteraceae)

MB Angulo^{1,2}, L Chalup², M Dematteis^{1,2}

Cátedra de Biología General y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE), Corrientes. ²Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). angulobetiana@gmail.com

Introducción: El género *Stenocephalum* pertenece a la subtribu Lepidaploinae (Vernonieae; Asteraceae) y comprende siete especies distribuidas en Sudamérica, principalmente en el centro y sur de Brasil. Los caracteres micromorfológicos florales y el polen tipo "C" son altamente diagnósticos para el género. Sin embargo, no todas las especies del grupo fueron caracterizadas hasta el momento. En este contexto, para evaluar la confiabilidad de los caracteres como marcadores taxonómicos a nivel genérico, los microcaracteres de flores y frutos, y las características de los granos de polen fueron analizados en todas las especies del género. Asimismo, estos caracteres junto a información obtenida de la literatura de otros caracteres macromorfológicos, forma de vida, hábitat y número cromosómico básico fueron analizados en un contexto evolutivo para proponer la primer hipótesis filogenética incluyendo a todas las especies de *Stenocephalum*.

Materiales y Métodos: Los microcaracteres florales fueron analizados mediante microscopio estereoscópico, óptico (MO) y microscopio electrónico de barrido (MEB). Los granos de polen se procesaron utilizando la técnica de acetólisis y fueron analizados mediante MO y MEB. Los estudios filogenéticos se realizaron usando los criterios de Máxima Parsimonia (MP) e Inferencia Bayesiana. Los análisis realizados bajo el criterio de MP se realizaron bajo pesos iguales y pesos implicados ($k= 1$ a 10). Además, se realizó un estudio detallado del comportamiento de los caracteres mediante la optimización los mismos y se calculó su ajuste a los árboles obtenidos.

Resultados: Las corolas y las cipselas de las especies analizadas presentaron diferentes tipos de tricomas glandulares y eglandulares, los cuales permitieron diferenciar a especies relacionadas. Las anteras caudadas con apéndices apicales sin glándulas, la estructura del carpopodio y el polen tipo "C" son características comunes del género. Además de estos caracteres, se analizaron por primera vez en el género los cristales de la pared del fruto, los cuales no constituyen buenos caracteres diagnóstico debido a su variación a nivel infraespecífico. Por otro lado, los análisis filogenéticos revelaron que las especies de *Stenocephalum* constituyen un grupo monofilético sólo si incluye a las especies de *Pseudopiptocarpha*, bajo los dos criterios empleados. El análisis de caracteres mostró que más del 80% de los caracteres fueron filogenéticamente informativos, un bajo porcentaje fue homoplásico y presentaron un buen ajuste a los árboles obtenidos.

Conclusión: Los caracteres micromorfológicos y palinológicos tienen valor diagnóstico para las especies de *Stenocephalum*. En este sentido, la homogeneidad del tipo "C" demostró que los granos de polen constituyen un buen marcador taxonómico. A nivel genérico, varios caracteres micromorfológicos son buenos marcadores taxonómicos, mientras que los microcaracteres restantes son útiles a un nivel específico.

Nuestros resultados demuestran la monofilia de *Stenocephalum* incluyendo a *Pseudopiptocarpha* y de casi todos los géneros de la subtribu de Lepidaploinae basados en la combinación de características morfológicas (macro y microcaracteres), palinológicos y cromosómicas apoyando así la clasificación taxonómica sugerida por Robinson (1999).

EVALUACIÓN DE LA ESPECIFICIDAD DE LA TOLERANCIA A DEFENSAS ANTIHERVIBORÍA EN LA MOSCA CACTÓFILA *Drosophila koepferae*

SO Bouzas¹, F Barbarich², VP Carreira¹, IM Soto¹

¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución-Departamento de Ecología, Genética y Evolución, (FCEN, UBA-CONICET). ²Instituto de Micología y Botánica-Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, FCEN, (UBA-CONICET). bouzassantiago@gmail.com

Introducción: *Drosophila koepferae* es una especie de mosca de hábitos saprofitófagos que se cría en tejidos necróticos de cactáceas. Se distribuye desde Cuyo y el NOA hasta el sur de Bolivia. Sus hospedadores primarios son cactus columnares del género *Trichocereus* (Cardones). La alta concentración alcaloidea y la presencia de ácidos grasos de cadena media, hace de los cardones un medio de cría químicamente desafiante para cualquier insecto. Mediante selección artificial, se han desarrollado en nuestro laboratorio líneas de *D. koepferae* tolerantes (T) y altamente tolerantes (AT) a los aleloquímicos de *Trichocereus terscheckii*. Estas líneas toleran concentraciones de aleloquímicos en órdenes de magnitud superiores a las concentraciones naturales. Este trabajo tiene como objetivo evaluar la especificidad de la tolerancia a aleloquímicos desarrollada consecuencia de la selección. Para esto se usaran los caracteres de viabilidad y tiempo de desarrollo como estimadores de desempeño en diferentes especies del género *Trichocereus*. De acuerdo a nuestra hipótesis de trabajo, los mecanismos fisiológicos que permiten a las cepas tolerar las altas concentraciones de aleloquímicos de *T. terscheckii* también permiten la explotación más efectiva de otras especies de cardones con respecto a cepas control (no sometidas a selección artificial).

Materiales y Métodos: Se estimó la viabilidad y el tiempo de desarrollo en la línea T, AT y su control en tejidos de cinco cactus: 1- *T. terscheckii* colectado en San Juan, 2- *T. terscheckii* colectado en Jujuy, 3- *T. pasacana*, 4- *T. volcanensis*, 5- *T. tarijensis*. Se sembraron 50 larvas de primer estadio de cada línea en tubos conteniendo 6g de tejido de cada cactus. Se realizaron 5 réplicas para cada combinación línea y cactus. Una vez finalizado su periodo larval los adultos se recogieron cada 4 horas por un periodo de 7 días. La viabilidad se midió como la proporción de adultos emergidos respecto a las larvas colocadas. El tiempo de desarrollo se estimó como las horas transcurridas desde la siembra de cada individuo hasta su recolección como adulto.

Resultados y Discusión: Respecto a la viabilidad, la línea control se mostró en líneas generales más robusto que las líneas T y AT. Las líneas tolerantes no fueron sistemáticamente más viables en los nuevos hospedadores. Este patrón podría deberse a una mayor variabilidad genética segregando en la línea control, lo que le permite una adaptación general a los diferentes recursos que se le presentan. En cuanto al tiempo de desarrollo, la línea Control se desarrolló más rápidamente en *T. pasacana* y *T. terscheckii* de San Juan. De modo contrario, las líneas T y AT fueron más rápidas que el control en *T. volcanensis*, *T. tarijensis* y *T. terscheckii* de Jujuy. En ese sentido, las líneas tolerantes están regulando el tiempo de desarrollo de manera más efectiva que los controles en ciertos hospedadores. Las grandes diferencias entre *T. terscheckii* de San Juan y de Jujuy, podría indicar que la variabilidad nutricional y/o de metabolitos secundarios puede ser más grande entre poblaciones que entre especies dentro de este género de cardones.

Conclusiones: La adaptación a alta concentraciones de aleloquímicos específicos en *D. koepferae* no le aportó ventajas generales para explotar eficientemente cualquier otro recurso similar. Esto sugiere la existencia de presiones selectivas hospedador específicas (y población específica) y, por lo tanto, la necesidad de especialización ecológica por parte de las poblaciones de Drosófilas cactófilas.

***Spergula* L. (CARYOPHYLLACEAE): UN CASO DE ESTUDIO PARA EL ESTABLECIMIENTO DE ÁREAS DE CONSERVACIÓN EN ARGENTINA**

MC Brem MC, CR Volponi², MS Ferrucci¹, JP Coulleri¹

¹Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). ²Facultad de Ciencias Naturales y Museo de la Universidad Nacional de La Plata. martacarolinabrem@gmail.com

El género *Spergula* L. (Caryophyllaceae) comprende hierbas anuales y perennes, cuenta con 70 especies de amplia distribución en la región del Mediterráneo y en América del Norte. En América del Sur se registran 13 especies y en Argentina habitan 14 taxa (12 especies, 2 subespecies y 2 variedades). En este país, el género vegeta en una gran variedad de ambientes, desde praderas a zonas de gran salinidad y altas montañas. Algunas especies son vulnerables a perturbaciones ambientales dado que presentan distribución geográfica restringida, poca abundancia, estenoicidad, ciclo de vida corto (anuales) y baja tasa de crecimiento individual. Los objetivos de este trabajo son: (1) analizar los patrones de distribución del género en Argentina con el fin de establecer áreas prioritarias de conservación; 2) determinar si los patrones de diversidad en *Spergula* definen áreas ricas en especies con distribución restringida; y 3) evaluar que factores ambientales limitan la aparición de especies raras. Los datos de ocurrencia de especies se obtuvieron mediante la georreferenciación de 467 especímenes provenientes de material de herbario y colecciones de campo. Los patrones de diversidad se estimaron a través de la riqueza de especies, relación especies-área y puntuaciones de rareza utilizando diferentes métodos. Se analizaron veinte variables ambientales en aquellas especies que resultaron raras a través de un enfoque exploratorio multivariado (ACP). Las áreas prioritarias de conservación para *Spergula* en Argentina a través de los métodos más eficientes se asignan a 9 puntos calientes (hotspots) a través de riqueza de especies y a 4 áreas a través puntuaciones de rareza, de las cuales 3 son coincidentes con las áreas más ricas en especies. Los factores limitantes (altitud, isothermabilidad, temperatura y precipitaciones) y la distribución determinaron tres grupos de especies raras: grupo de distribución continua de las tierras altas (TaDc), grupo de distribución continua de tierras bajas (TbDc) y grupo de distribución discontinua de tierras bajas y tierras altas (Ta&bDd). Finalmente, dado que la mayoría de los hotspots de la diversidad de *Spergula* coinciden con áreas naturales protegidas ya existentes, el género podría ser un modelo interesante para monitorear los esfuerzos de conservación en Argentina.

Este trabajo contó con el apoyo de la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (PICTO-UNNE, FONCyT 2011-0202), el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET) y la Universidad Nacional del Nordeste (SCYT PI15-P001).

***Leptodactylus chaquensis* (ANURA: LEPTODACTYLIDAE): ¿QUÉ NOS CUENTA SU HISTORIA?**PM Burella¹, EC Rueda¹, JA López^{1,2}, NG Basso³, PS Amavet¹

¹Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, UNL, CONICET, Santa Fe, Argentina. ² Instituto Nacional de Limnología (CONICET-UNL), Santa Fe, Argentina. ³ Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET), Puerto Madryn, Argentina. pame.burella@hotmail.com

Introducción: Una de las especies que se incluye en el Orden Anura es *Leptodactylus chaquensis*, (rana chaqueña). De distribución Neotropical, habita en gran parte de la región de Chaco, oeste de la Pampa, bosque Atlántico y bosque Cerrado. El objetivo de este trabajo es aportar conocimientos sobre las características genético-poblacionales de *L. chaquensis* y avanzar en la comprensión de la historia evolutiva de esta especie.

Materiales y Métodos: Se obtuvo ADN de 66 ejemplares a partir de diferentes tejidos mediante extracción salina. Las muestras fueron amplificadas empleando dos marcadores mitocondriales (Citocromo Oxidasa I - COI- y Citocromo b -*Cyt b*-) para realizar análisis de diversidad genética y de estructura poblacional. Además para el estudio de COI, se agregó una secuencia obtenida de Genbank de Mato Grosso del Sur, Brasil.

Resultados y Discusión: El análisis de *Cyt b* (702 pb), con 66 secuencias determinó 25 haplotipos ($Hd=0,94$), siendo el H1, el H12, el H19 y el H25 más frecuentes; para COI (613 pb), del análisis con 28 secuencias se obtuvieron 10 haplotipos ($Hd=0,79$) siendo el H1 más frecuente; para *Cyt b* y COI (1315 pb) se trabajó con 23 secuencias y se obtuvieron 19 haplotipos ($Hd=0,98$). Los resultados del AMOVA mostraron para ambos marcadores que las diferencias genéticas halladas no están correlacionadas con la distancia geográfica de las poblaciones, lo cual fue corroborado mediante el Test de Mantel para *Cyt b*, en donde se obtuvo un factor de correlación de $r=0,2664$.

Conclusiones: Se puede sugerir que existe flujo génico elevado entre las poblaciones muestreadas y se aprecian haplotipos representativos (H1, H12 y H19 para *Cyt b*; H1 para COI), los cuales provienen de la parte central de la región de Chaco. Las secuencias correspondientes a H1 de *Cyt b* coinciden con las secuencias con menor número de sustituciones en el árbol consenso obtenido en Mr Bayes. A partir de los valores de F_{ST} obtenidos podemos sugerir que la especie *L. chaquensis* tiene un origen reciente.

Agradecimientos: Agradecemos a la Colección del Inst. de Inv. Biol. del Paraguay, a la Colección de Vertebrados (Anfibios) de la FCIEN de la UdelaR de Uruguay, a la Colección Herp. del Lab. de Gen. Evol. del Inst. de Biol. Subt. (CONICET-UNaM) de Argentina, y al Lab. de Herp. de la FACENA-UNNE de Argentina.

ENFOQUE FILOGEOGRÁFICO EN EL ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Bulnesia sarmientoi*GA Camps¹, A Cosacov², AR Verga¹, AN Sérsic²¹Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (CIAP, INTA); ²Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET-UNC). campsandres@gmail.com

Introducción: Son escasos los trabajos filogeográficos realizados en el Gran Chaco Americano, más aún de especies que se distribuyen en la porción Semiárida. *Bulnesia sarmientoi* Lorentz ex Griseb es una especie arbórea endémica del Semiárido y de riesgo creciente de extinción. El estudio de la variabilidad genética con marcadores moleculares plastidiales aportaría información valiosa tanto para dilucidar la historia evolutiva de la especie en un marco biogeográfico como para establecer estrategias de conservación de la especie.

Metodología: En 24 localidades (n=144), distribuidas en el norte central de Argentina, SE de Bolivia y E de Paraguay, se colectaron muestras de hojas de *B. sarmientoi*. Dos regiones del genoma cloroplastidial fueron seleccionadas y amplificadas, *trnL-trnF* y *rpl32_F-trnL*. Se estimaron las relaciones genealógicas entre los haplotipos, se obtuvieron índices de diversidad genética y se hicieron diversos análisis demográficos (pruebas de neutralidad de Tajima's *D* y Fu's *FS*, distribución de diferencias pareadas y el análisis bayesiano Skyline Plot (BSP)). Se generó una Reconstrucción Filogenética Espacial de Evolución Dinámica (SPREAD) con inferencia bayesiana.

Resultados y Discusión: La red de haplotipos, estrellada, muestra un haplotipo ancestral de amplia distribución y recupera tres filogrupos; la especie no presenta estructuración poblacional ni geográfica, ya que hay haplotipos compartidos por poblaciones distantes. Para el filogrupo (P1) que contiene la mayor cantidad de individuos (n=91) el test de neutralidad *D* da negativo y significativo; *FS* es también negativo y significativo para P1 y para el total de muestras, mientras que el test de diferencias pareadas no rechaza la hipótesis de expansión demográfica en los dos casos. En tanto, los análisis BSP presentan, para ambos casos, un patrón similar de crecimiento demográfico; el crecimiento en el tamaño efectivo habría comenzado hace un millón de años con el valor más alto de crecimiento en 120-250 mil años, desde entonces a la actualidad se observa un leve retroceso poblacional. El análisis SPREAD sugiere un centro de origen de expansión (hace ~200 mil años) de los linajes en el centro-sur de la distribución. Este origen está también soportado por el hecho de que en esa zona se detectó la mayor variabilidad genética de la especie. Desde los 180 mil años expande su rango significativamente hacia el norte, sur y oeste, hasta los 150 mil años, donde se observan numerosos eventos de difusión en las áreas ya colonizadas. Alrededor de los 60-50 mil años se observa un segundo incremento significativo del rango de distribución, colonizando nuevas áreas hacia el oeste principalmente. Desde esa fecha hasta aproximadamente los 16 mil años se observan diversificaciones, particularmente aceleradas hace ~30 mil años. A partir de los 16 mil años se observa el último incremento significativo del rango de distribución. A partir de allí, no se infiere hasta el presente otro evento de expansión de rango, pero sí de difusión de linajes. En términos biogeográficos, en la etapa final del último interglaciar habría ocurrido el valor más alto de tamaño efectivo para *B. sarmientoi* y el posterior descenso que duraría hasta la actualidad, posiblemente como consecuencia del retroceso del área boscosa durante este período. En épocas glaciares los bosques semiáridos del chaco habrían ocupado mayor área, esto es coincidente con los tres eventos de expansión del rango que se observan (a los 180, 60 y 16 mil años). En los períodos interglaciares no se infieren expansiones de rango, pero sí procesos de difusión y diversificación de linajes en las áreas ocupadas. Las poblaciones de la Chiquitanía que constituyen las poblaciones más septentrionales, habrían sido colonizadas durante períodos más secos y fríos. El hecho de la falta de aislamiento por distancia apoya la hipótesis del semiárido como área inestable durante el último máximo glacial.

Conclusión: El análisis de ADN cloroplastidial en *B. sarmientoi* sugiere una especie que ha sufrido al menos tres eventos de expansión de rango que habrían ocurrido durante períodos glaciares, cuando los bosques tropicales y subtropicales se habrían retraído y los biomas áridos se habrían expandido. Esta inestabilidad y recurrentes expansiones de rango podrían explicar la falta de estructuración poblacional en esta especie. El análisis de difusión espacial sugiere un origen de la diversificación en el centro-sur de la distribución lo que es muy consistente con los altos niveles de variabilidad genética encontrados en dicha zona.

Agradecimientos: Al IFRGV e IMBIV. A CONICET. Al Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sustentable de la Nación (MAyDS), FONCyT (PICTO-2014-0013), SECyT Cba (Res. 203/14 y 103/15) e INTA (PNFOR-1104064).

BIOTAS DE INVERTEBRADOS EN AMBIENTES LACUSTRES MESOZOICOS DE LA ARGENTINA

L Centurión, R Romero, H Barrios Calathaki, V Jiménez, IA Zacarías, MB Lara, MD Monferran, OF Gallego
Centro de Ecología Aplicada del Litoral y Geología Histórica-Micropaleontología-CECOAL-CCT-NE- CONICET y
Depto. Biología, FaCENA-UNNE, C.C. 128, 3400 Corrientes, Argentina. ofgallego@live.com.ar

Introducción. Los ambientes lacustres continentales del Mesozoico de Argentina cuentan con un variado registro fosilífero en diferentes unidades geológicas, distribuidos geográficamente y representando distintas condiciones ambientales. Los invertebrados característicos de estos sistemas lacustres lo constituyen los artrópodos (crustáceos e insectos) y moluscos (bivalvos y gasterópodos). A lo largo de la Era Mesozoica la diversidad de estos invertebrados fue cambiando como consecuencia a distintos eventos que ocurrieron durante este lapso de tiempo geológico, tales como el tectonismo, vulcanismo, extinciones, variaciones climáticas, etc. Sin embargo, es escaso el conocimiento de cómo estos eventos afectaron a la diversidad de invertebrados y cuáles de estos se vieron mayormente afectados. Por ello, el presente trabajo tiene como objetivo, relevar la diversidad de invertebrados y evaluar las distintas hipótesis en relación a sus cambios y a los eventos geológicos-climáticos ocurridos durante el Mesozoico. **Materiales y Métodos.** Los estudios, desde diferentes aproximaciones, de las faunas lacustres mesozoicas se efectuaron sobre materiales coleccionados desde fines de 1980 en aproximadamente 50 localidades fosilíferas ubicadas en dos grandes áreas geográficas de Argentina: cuencas del centro-oeste (Cuyana y del Bermejo, Triásico Medio-Superior) y de la Patagonia (Chubut Extraandino y Macizo del Deseado, Jurásico Inferior-Cretácico Inferior). **Resultados y Discusión.** Las biotas de invertebrados en Argentina presentan diferencias y similitudes entre los períodos Triásico, Jurásico y Cretácico (Era Mesozoica). Los moluscos bivalvos están representados por el género *Diplodon* en todo el Mesozoico, sin embargo, los estudios taxonómicos son escasos debido a que sus restos fósiles exhiben escasa información diagnóstica. La fauna de crustáceos comprende dos grupos, ostrácodos y branquiópodos. Los primeros se encuentran representados por los Darwinulidae (única familia continental sobreviviente pos-Paleozoica), con los géneros *Penthesilenula* y *Darwinula* reconocidos ampliamente para el Triásico y Jurásico de nuestro país. Los branquiópodos están representados por unos pocos notostracos y una gran riqueza de 'conchostracos'. Este último grupo muestra claras diferencias desde el Triásico al Cretácico, incluso comparada con faunas de otras regiones. Estas diferencias radican en un componente cronológico y paleoambiental caracterizándose la fauna triásica por especies de las familias Euestheriidae y Loxomegalyptidae, y las faunas jurásico-cretácicas por representantes de Eosestheriidae y Fushunograptidae. Por otro lado, el registro paleoentomológico esta principalmente representado en el Triásico e incluye los órdenes Blattodea, Coleoptera, Hemiptera, Orthoptera, Mecoptera, Miomoptera, Hymenoptera, Diptera, Grylloblattida, Plecoptera, Odonata y Glosselytrodea. La fauna de insectos jurásicos-cretácicos se encuentra menos estudiada y registra dípteros, mecópteros, hemípteros, ortópteros, coleópteros, glosselytrodeos, neurópteros y tricópteros. Las diferencias observadas entre las entomofaunas de los distintos periodos probablemente se deban a un sesgo de colección y al bajo número de investigadores dedicados a esta línea, si tenemos en cuenta el potencial fosilífero que muestran los afloramientos mesozoicos de nuestro país. Desde el punto de vista geológico-ambiental y de forma muy general, los sistemas lacustres triásicos pueden ser caracterizados por grandes y profundos lagos perennes con sedimentación preferentemente siliclastica, mientras que los sistemas lacustres jurásico-cretácicos se encuentran conformados por lagos someros estacionales y con sedimentación volcanoclastica, con una gran influencia de factores tectono-volcano-climáticos. El clima del Triásico corresponde a un régimen megamonzónico y el del Jurásico-Cretácico a un clima fuertemente estacional generando probablemente un cambio en la composición de las faunas de invertebrados. Con respecto a la extinción registrada en el límite Tr-Jr a nivel mundial todavía no ha sido evaluada en estos ambientes continentales debido a que se requiere un mayor número de colecciones en los distintos periodos disminuyendo así el sesgo de colección. **Conclusiones.** Las biotas de invertebrados en los diferentes ambientes lacustres desarrollados durante la Era Mesozoica muestran variaciones en cuanto a su composición, observado principalmente en los insectos y 'conchostracos', probablemente como consecuencia de cambios ambientales. Sin embargo, estos estudios de diversidad vs eventos geológicos-climáticos, se encuentran en una etapa inicial de desarrollo y es por ello, que se requiere aún continuar con la prospección en diferentes sitios de gran potencialidad con el fin de contribuir al conocimiento de la evolución de los invertebrados mesozoicos, a la reconstrucción de los ecosistemas en respuesta a condiciones paleoambientales y climáticas; y aportar nuevas evidencias acerca de las estrechas conexiones faunísticas entre Laurasia y Gondwana durante el Mesozoico.

PATRONES DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN ESPECIES SUDAMERICANAS DE *Lathyrus* (SECCIÓN *Notolathyrus*, Leguminosae)

L Chalup¹, ML Pérez^{1,2}, SS Samoluk^{1,3}, G Robledo Dobladez^{1,3}, VG Solís Neffa^{1,3}, JG Seijo^{1,3}

¹Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Corrientes (Argentina), ²Facultad de Ciencias Agrarias, y ³Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste. Corrientes.
laurachalup@gmail.com

Introducción: Los patrones de variación genética usualmente se relacionan con las características ecológicas de las especies tales como la amplitud de su distribución geográfica, los tipos de ambientes que ocupan y su demografía. El estudio combinado de estos aspectos permite conocer su dinámica poblacional y sus mecanismos de adaptación y evolución. Las especies de *Notolathyrus* ocupan un amplio rango geográfico y climático en Sudamérica; pueden presentar una amplia distribución con poblaciones densas o muy restringidas con poblaciones constituidas por unos pocos individuos. Si bien las especies presentan adaptaciones para un amplio rango de hábitats, se establecieron 4 centros de riqueza específica: las cuencas de los ríos Paraná y Uruguay, las sierras de Buenos Aires, Uruguay y sur de Brasil, los bosques patagónicos y las sierras subandinas y cordobesas. En cada centro se encuentran algunas especies endémicas aunque también existen poblaciones de especies con distribución geográfica amplia que pueden abarcar más de un centro y regiones extra-centros. El objetivo de este trabajo fue inferir los patrones de variabilidad genética en las especies de *Notolathyrus* y su relación con la distribución geográfica.

Materiales y Métodos: Se analizó la región cloroplástica trnS-trnG en 96 individuos (provenientes de igual número de poblaciones) correspondientes a 18 especies de esta sección. Se propusieron dos niveles de análisis: 1-las especies y 2-los centros de riqueza específica. La variabilidad genética, para los dos niveles de análisis propuestos, se estimó mediante el número de sitios polimórficos, la diversidad nucleotídica (π) y la diversidad haplotípica (h); mientras que la variabilidad existente entre y dentro de las especies y centros de riqueza específica se calculó mediante AMOVA.

Resultados: Se construyó un alineamiento de 1372 pb (incluyendo indels), con 192 sitios segregantes (S) de los cuales 93 fueron filogenéticamente informativos. Estos sitios permitieron identificar 68 haplotipos. La mayoría los haplotipos fueron observados en una sola localidad y fueron especie-específicos. La diversidad nucleotídica fue alta ($\pi=0.015$) y la diversidad haplotípica fue muy alta ($h=0.990$) dentro y entre las especies, independientemente del tamaño del área de distribución de las mismas. Por otro lado, el AMOVA reveló que el 56.2% de la variabilidad total observada corresponde a la existente entre las especies y el resto dentro de las mismas. Los haplotipos presentes en cada centro, excepto tres, fueron exclusivos. El centro con mayor diversidad haplotípica fue el de la cuenca de los ríos Paraná y Uruguay y el de menor fue el de los bosques patagónicos. El AMOVA, demostró que la mayor parte de la variabilidad observada se encuentra dentro de los centros y sólo el 6.13% entre ellos.

Conclusión: La alta variabilidad inferida a partir de los índices h y π junto con la alta frecuencia de haplotipos especie-específicos, sugiere un largo tiempo de divergencia del grupo en Sudamérica. Por otro lado, la existencia de haplotipos compartidos entre muy pocas poblaciones se explicaría, probablemente, por la retención de polimorfismo ancestral en el grupo. El análisis realizado sugiere que los distintos centros de riqueza específica propuestos son también centros de variabilidad genética diferentes.

PALEODIVERSIDAD Y PALEOAMBIENTES EN LA TRANSICIÓN PLEISTOCENO TARDÍO-Holoceno DEL CHACO ORIENTAL, ARGENTINA

SA Contreras, C Méndez, AE Zurita, AR Miño-Boilini

Centro de Ecología Aplicada del Litoral (CECOAL-CONICET-UNNE). Ruta 5, km 2.5. W3400. Corrientes, Argentina.

Las provincias de Chaco y Formosa (Argentina) integran la Región fitogeográfica del Chaco, que consiste en una llanura formada por una masiva acumulación de sedimentos cuaternarios sobre el hundido escudo precámbrico brasilero. En los últimos años hubo un importante incremento en el conocimiento paleontológico de ambas provincias, especialmente al Este, ocupada por el sector más húmedo de la Región: el Chaco Oriental. El principal objetivo de esta comunicación es realizar una síntesis sobre el conocimiento de la paleodiversidad y paleoambientes de la región del Chaco Oriental argentino durante el lapso Pleistoceno más tardío-Holoceno. Este sector se caracteriza actualmente por una marcada heterogeneidad ambiental, en la que diferentes bosques se mezclan con pastizales, palmares y humedales. Esta heterogeneidad ambiental sería resultado de la dinámica aluvional, la migración intensiva de los cinturones fluviales de los principales ríos (e.g. ríos Pilcomayo y Bermejo) y los cambios climáticos ocurridos durante el Pleistoceno tardío-Holoceno (ca. 0,126-0,0117 Ma) de la llanura. Los registros del Pleistoceno tardío en ambas provincias corresponden principalmente a vertebrados fósiles que indican en su mayoría el predominio de ambientes abiertos de pastizales con clima semiárido, congruente con un período glacial (e.g.: *Glyptodon* sp., *Neosclerocalyptus* cf. *N. paskoensis*, *Pampatherium typum*; *Megatherium* sp.; cf. *Morenelaphus*, cf. *Hemiauchenia paradoxa*); sin embargo, en la provincia de Formosa también se registran taxones propios de climas más húmedos y cálidos (e.g: *Holmesina paulacoutoi* y *Procyon cancrivorus*); a esto se suma también evidencia paleobotánica que muestra el desarrollo de ambientes abiertos pero con pastizales mega/mesotérmicos propios de climas subtropicales durante el Pleistoceno más tardío, pero con menor humedad ambiental que lo registrado en la actualidad. Para el Holoceno temprano-medio, sin embargo, se observan momentos más húmedos y cálidos, con la presencia de humedales, en tanto que el Holoceno tardío vuelve a caracterizarse por climas subtropicales. Los ambientes en la última parte del Holoceno cambian de pastizales hidrofitos megatérmicos a la comunidad vegetal clímax con el desarrollo de bosques en galería.

ADAPTACIONES MORFOLÓGICAS EN *Serjania perulacea* (PAULLINIEAE, SAPINDACEAE) A LO LARGO DE SU RANGO DE DISTRIBUCIÓN

JP Coulleri, MC Brem, MS Ferrucci

Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). juancoulleri@gmail.com

Serjania perulacea es una especie variable a lo largo de su rango de distribución, habita desde el estado de Sao Paulo (Brasil) hasta el Noroeste Argentino incluyendo el Nordeste Argentino, todo el territorio de Paraguay y el centro-este de Bolivia. Este trabajo tiene por objetivo contribuir a la comprensión de la variación entre las poblaciones de *S. perulacea*. Para ello 144 ejemplares fueron analizados a partir de una evaluación detallada de caracteres foliares (división de la lámina, forma, tamaño, ápice y margen del foliolo terminal) y del indumento mediante análisis de coordenadas principales y de componentes principales. Por otra parte, 19 variables bioclimáticas presentes en la base de datos WorldClim que podrían determinar la distribución de los ejemplares fueron analizados a partir de un análisis de componentes principales. Nuestros resultados nos permiten identificar tres morfotipos de acuerdo a los caracteres estudiados: A) son plantas ocráceo-pubescientes, caracterizadas por láminas foliares imparipinadas 2-yugadas, yuga basal 3-foliolada, el foliolo terminal de gran tamaño, ovado-ancho, obovado u obovado-ancho, ápice obtuso o retuso y margen dentado-serrado con dientes inconspicuos; las plantas del morfotipo B se caracterizan por ser glabras con láminas foliares imparipinadas 3-yugada, con la yuga basal 5-foliolada, con foliolos terminales de mediano tamaño, ovado-angostos u ovado con ápice agudo y margen dentado-serrado con dientes agudos; y las plantas del morfotipo C presentan características intermedias entre los morfotipos A y B, presentan escaso indumento o pueden ser glabras, las láminas foliares son imparipinadas 2-3-yugadas, con la yuga basal 3 o 5-foliolada, los foliolos terminales son pequeños, ovado u ovado-ancho con el ápice retuso y el margen inciso-dentado. Estos morfotipos, además, presentan una fuerte respuesta a las diferentes condiciones ambientales exhibiendo preferencias a ellas, especialmente a los factores relacionados con los regímenes pluviales, la humedad y las tasas de evaporación. Además, la distribución de los tres morfotipos muestran exclusividad a la ocurrencia en sus respectivas áreas, superponiéndose solo en pocos puntos. Los especímenes de los diferentes morfotipos nunca se encuentran en simpatria. De esta manera, el morfotipo A habita los bosques semidescuidos chiquitanos en el centro-este de Bolivia y el centro-oeste de Brasil, región que se caracteriza por suelos rojos con largas estaciones secas y días largos con un amplio índice de evaporación. Por su parte el morfotipo B está ampliamente distribuido creciendo desde São Paulo (Brasil) hasta el Noroeste de Argentina con una pequeña brecha en Paraguay (centro-oeste del departamento Presidente Hayes y los departamentos Alto Paraguay y Boqueron). Mientras que el morfotipo C está circunscripto a una pequeña región del norte de Argentina, centro-este de Bolivia y oeste de Paraguay, esta región se caracteriza por presentar suelos arcillosos y un régimen pluvial extremadamente bajo. Esta exclusividad geográfica de los morfotipos nos permitió designar a cada morfotipo como variedades de *S. perulacea*, siendo estas: el morfotipo A la variedad típica; el morfotipo B lo denominamos *Serjania perulacea* var. *kravovickasii* y el morfotipo C es *Serjania perulacea* var. *chacoensis*. Este trabajo ha sido subsidiado por la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (PICTO-UNNE, FONCYT 2011-0202), el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET) y la Universidad Nacional del Nordeste (SCYT PI A012-2013, PI15-P001).

CONGRUENCIA ENTRE PATRONES FILOGEOGRÁFICOS Y RASGOS MORFOLÓGICOS CUANTITATIVOS DEL CRÁNEO EN DOS ROEDORES SEMIFOSORIALES ANDINOS (SIGMODONTINAE, ABROTRICHINI)

MR D'Amato, DH Campo, P Teta

División Mastozoología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" Avenida Ángel Gallardo 470, Buenos Aires. martindamato88@gmail.com

Introducción: Los estudios filogeográficos se han enfocado en la búsqueda de linajes de evolución independiente dentro de las especies, principalmente a través del análisis de marcadores moleculares. Los resultados de estas aproximaciones han permitido explicar la variación genética entre poblaciones a través de la correlación con su variación espacial y ambiental. La variabilidad fenotípica ha sido frecuentemente relegada al realizar este tipo de estudios. Esta carencia no es menor, ya que distintos fenotipos pueden tener un impacto diferencial a nivel de otros procesos (e.g., dispersión, colonización, persistencia en nuevos ambientes, flujo génico), pudiendo afectar la distribución geográfica y promoviendo o limitando la divergencia genética dentro y entre poblaciones. *Geoxus valdivianus* y *Paynomys macronyx* son dos especies de roedores Abrotrichini de hábitos semifosoriales y poco representados en colecciones biológicas. Ambos taxones se distribuyen por el SO de Argentina y S de Chile, en áreas boscosas y estepas ecotonales. Estudios previos, basados en marcadores moleculares, han destacado que estos roedores presentan estructuras geográficas con clados que se reemplazan latitudinalmente (en ambos casos un clado N y otro S, separados hacia los 37-38° LS). El objetivo de este trabajo es poner a prueba la congruencia entre los resultados de los análisis filogeográficos previos y datos propios basados en el análisis de caracteres morfológicos cuantitativos del cráneo.

Materiales y Métodos: Se estudiaron 101 individuos adultos de *G. valdivianus* (N = 35) y *P. macronyx* (N = 66), depositados en las principales colecciones biológicas de Argentina y Chile. Para cada individuo se tomaron 12-20 medidas lineales. Para resumir las causas de variación morfométrica y ordenarlas por importancia se realizó un análisis de componentes principales (ACP) a partir de una matriz de varianza-covarianza de las medidas transformadas a logaritmo decimal. En un segundo paso, las medidas individuales fueron corregidas por la media geométrica de cada individuo a los fines de evitar la distorsión que se genera por efecto del tamaño.

Resultados y discusión: En ambos roedores se registró una congruencia elevada entre los linajes recuperados por los análisis filogeográficos previos y los resultados del análisis morfológico cuantitativo (este trabajo). En el espacio multivariado, los grupos geográficos pertenecientes a un mismo clado filogeográfico se recuperaron más cercanos entre sí y separados de los correspondientes al otro linaje. Se destaca un quiebre que ocurre hacia los 37-38° LS, que se evidencia en los análisis de marcadores moleculares y tiene su correlato cuantitativo en la morfología. Un patrón similar ha sido reportado para otras especies de roedores (e.g. *Abrothrix hirta*, *A. olivacea*) y algunos vertebrados terrestres. Estas y otras evidencias sugieren una dinámica compleja para el sector cordillerano entre 35-42° LS, para el que han sido documentadas varias áreas que sirvieron de refugio a la biota durante las glaciaciones cuaternarias.

Conclusiones: Se destaca la importancia de evaluar distintas líneas de evidencia, no sólo para generar un marco taxonómico sólido, sino también para comprender más acabadamente el impacto de los sucesos climáticos y geológicos del Cuaternario sobre las biotas australes.

Agradecimientos: A los curadores de las colecciones biológicas consultadas por permitirnos el acceso a los especímenes bajo su cuidado: G. D'Elía, D. Flores, R.A. Ojeda, U.F.J. Pardiñas y D. Verzi.

CONNOTACIONES PALEOECOLOGICAS EN LA EVOLUCION DE LA NUEVA SUBESPECIE *Oepikodus intermedius robustus*, EN LA FORMACION SAN JUAN, PEÑA SOMBRÍA, PRECORDILLERA DE LA RIOJA

GM Della Costa, GL Albanesi

CICTERRA (CONICET-UNC), CIGEA, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. gisebiodelacosta@gmail.com

Los conodontes son microfósiles marinos con un alto potencial para estudios evolutivos y bioestratigráficos en el Paleozoico y Triásico, a causa de su alta tasa evolutiva, gran diversidad y amplia distribución geográfica. El género *Oepikodus* fue introducido originalmente por Lindström en 1955, como morfogénero en referencia a elementos típicos del Ordovícico Inferior de Suecia. En la Precordillera argentina, la Zona de *Oepikodus evae* es la biozona de conodontes más extendida a escala regional, permitiendo una precisa correlación tanto a nivel continental como global. La zona de *Oepikodus evae* se encuentra asociada a oscilaciones del nivel del mar dentro de un ciclo global mayor de *highstand*, produciéndose un incremento en la productividad de carbonatos. La especie *Oepikodus intermedius* fue definida por Serpagli en 1974, quien la consideró descendiente de *Oepikodus evae*, indicando que el límite de su Fauna B está marcado por el reemplazo de *O. evae* por *O. intermedius*, en la parte alta del Piso Floiano. El presente estudio aborda el análisis taxonómico de la colección micropaleontológica que incluye 6.032 conodontes procedentes de la Formación San Juan, expuesta en la localidad de Peña Sombría, Precordillera de La Rioja, depositada en el Museo de Paleontología de la Universidad Nacional de Córdoba bajo la sigla de repositorio CORD-MP. En la sección de Peña Sombría se registraron ejemplares de la especie nominal *O. evae* y especies típicas de la biozona, tales como *Bergstroemognathus extensus*, *Cornuodus longibasis*, *Drepanodus arcuatus*, *Juanognathus jaanussoni*, *Paroistodus parallelus*, *Paroistodus originalis*, *Periodon fabellum*, *Protopanderodus rectus*, *Protopanderodus elongatus*, *Protopanderodus gradatus*, *Oistodus lanceolatus*, *Scolopodus rex*, *Tropodus sweeti*, *Decoriconus peselephantis*, *Paltodus? jemtlandicus*, *Protoprioniodus simplicissimus*, *Drepanoistodus forceps*, *Drepanoistodus basiovalis*, *Oistodus lanceolatus*, *Rossodus barnessi*, *Lundodus gladius* y *Microzarcodina flabellum*; además, se identificaron las especies nuevas de *Gothodus* y *Protoprioniodus*. La presencia de estas especies de la Zona de *O. evae* permite caracterizar paleoambientes de rampa media por debajo del nivel de base de olas de tormenta. Asimismo, se identificó en la sección estudiada una nueva subespecie a la que se denomina *Oepikodus intermedius robustus*, que se caracteriza por presentar en sus elementos P una denticulación hindiodellida en los procesos anterior y lateral; y su proceso posterior exhibe un reborde basal marcado. Se infiere que la presencia de dentículos, en esta nueva subespecie, podría estar asociada a un requerimiento de especialización morfológica para alimentarse en aguas más profundas y de baja energía, siendo que en aguas más someras y paleoambientes de alta energía, *Oepikodus intermedius* no desarrolla denticulación en sus procesos anterior y lateral.

Agradecimientos: Al CICTERRA, al Museo de Paleontología y al CIGEA de la Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, por los medios materiales e instalaciones proporcionadas para la realización de este trabajo, y a la SECYT-UNC por la financiación del mismo.

POTENCIALES RESPUESTAS DIFERENCIALES A LA SEQUÍA Y SU BASE GENÉTICA EN *Nothofagus dombeyi* BAJO REGÍMENES HÍDRICOS CONTRASTANTES

DG Diaz, P Mathiasen, AC Premoli

Laboratorio Ecotono, Universidad Nacional del Comahue, INIBIOMA-CONICET, Quintral 1250, 8400 Bariloche, Argentina. day.esponja@gmail.com

Los árboles individuales que viven en gradientes ambientales, presentan características adaptativas para condiciones adversas tales como la sequía y temperaturas extremas, que pueden ser de valor adaptativo actualmente y en un futuro en el contexto del cambio climático global. El objetivo de este trabajo es evaluar las respuestas adaptativas a la sequía en *Nothofagus dombeyi* de los extremos seco y húmedo de su distribución en base a experimentos de jardines comunes. Especies que habitan bosque húmedos como *N. dombeyi* sufren de sequías masivas. Por el contrario, hacia el extremo xérico del gradiente de precipitación, las poblaciones serían relativamente menos susceptibles a la sequía producto de la selección de genotipos adaptados al déficit hídrico. Analizamos la hipótesis que existen diferencias genéticas neutrales mediante marcadores moleculares y adaptativas en base a caracteres cuantitativos arquitecturales y foliares de individuos procedentes de poblaciones bajo regímenes contrastantes de precipitación cultivados en condiciones óptimas de crecimiento.

Las áreas de estudio están situadas en el bosque húmedo, sobre el margen oeste del Lago Gutiérrez, a 17 km al sur de la ciudad de Bariloche, Rio Negro; y el extremo seco de la distribución de la especie, en la zona de Confluencia de los Ríos Traful y Limay, ruta 237, Neuquén, Argentina. En Febrero del 2016 y en cada sitio se colectaron plántulas recientemente germinadas que fueron detectadas en base a la presencia de cotiledones y por lo tanto de aproximadamente la misma edad producto de la germinación natural de semillas. Luego fueron colocadas en macetas y cultivadas bajo condiciones homogéneas (jardín común). Se midió la mortalidad y distintas variables arquitecturales y foliares al principio y a los 14 meses. Estas fueron: longitud del vástago, número de ramas, número de hojas, área foliar, peso seco foliar, área foliar específica (AFE). Las diferencias genéticas entre las plantas adultas de los distintos orígenes se analizaron utilizando dos regiones no codificantes del ADN del cloroplasto, los espaciadores intergénicos trnH-pbsA y trnL-trn F.

Las plantas de sitios secos sufrieron significativamente mayor mortalidad. En cuanto a las variables arquitecturales, se obtuvo un mayor crecimiento en altura, en las plantas provenientes de los sitios húmedos que los xérico, siendo estas diferencias estadísticamente significativas. Para el número de ramas no se encontraron diferencias significativas. En relación a los caracteres foliares, el número de hojas por planta presentó un efecto marginalmente significativo, siendo mayor la cantidad de hojas en plantas de las zonas húmedas. No se encontraron diferencias significativas en cuanto al AFE, peso seco foliar, área foliar, largo y ancho de las hojas. Sin embargo el sitio húmedo mostró una significativamente mayor variación en los distintos caracteres foliares. En cuanto a los marcadores moleculares, se encontraron dos haplotipos diferentes, uno para cada sitio para el espaciador intergénico trnH-pbsA.

Los resultados muestran que existen diferencias adaptativas (tales como la mortalidad, el crecimiento y el número de hojas de las plantas) y plásticas (como los caracteres foliares) entre los extremos del gradiente de precipitación. La presencia de menor variación para los caracteres foliares en relación a las zonas secas de la distribución podrían estar atribuidos a una mayor presión de selección y a la adaptación específica del bajo régimen hídrico contante. Para continuar con este estudio sería interesante evaluar el valor adaptativo de esta especie realizando experimentos bajo condiciones controladas de déficit hídrico. En cuanto al análisis de ADN del cloroplasto, se puede decir, que esos dos haplotipos encontrados pertenecen a un mismo linaje hallado anteriormente para especies de *Nothofagus* incluyendo *N. dombeyi*. Estas diferencias genéticas encontradas pueden deberse a acumulaciones de diferencias a lo largo del tiempo que aun se mantiene.

Agradecimientos: se agradece cordialmente a la Universidad Nacional del Comahue y al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

INFLUENCIA DE LA TEMPERATURA Y DEL RECURSO DE CRÍA SOBRE LA ACTIVIDAD LOCOMOTORA DE *Drosophila buzzatii*

F Divito, JE Crespo², J Pueyrredón², E Hasson¹, EM Soto¹

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. ²Laboratorio de Entomología Experimental, Grupo de Investigación en Ecofisiología de Parasitoides y otros Insectos, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.
francodivito92@gmail.com

Introducción: *Drosophila buzzatii* es una especie que habita en zonas áridas y semiáridas del noroeste de la Argentina. Utiliza tejidos de cactus en descomposición como sustrato de cría y alimentación, preferentemente las tunas del género *Opuntia*, aunque también usa los cactus columnares de los géneros *Cereus* y *Trichocereus* como recurso secundario. Estos cactus columnares poseen una química más compleja que las tunas, conteniendo grandes concentraciones de alcaloides del tipo mescalina que resultan tóxicos para *D. buzzatii*. Estudios previos indican que la temperatura óptima de desarrollo de esta especie es de 25 °C, mostrando una disminución en su *fitness* a temperaturas menores a 20 °C y mayores a 30 °C. A su vez, diversos estudios han demostrado que la temperatura y los nutrientes obtenidos a partir de los recursos durante la etapa larvaria tienen efecto sobre diversos caracteres de historia de vida de las especies de *Drosophila*. El objetivo de este trabajo es estudiar el efecto de la temperatura y del recurso de cría sobre la actividad locomotora del adulto de *D. buzzatii*.

Materiales y Métodos: Los individuos fueron criados a densidad controlada durante los estadios de larva y pupa en tubos que contenían medio seminatural de cactus de las especies *Opuntia sulphurea* y *Trichocereus terscheckii* a 25 °C. Al emerger los adultos criados en los diferentes medios de cría, fueron separados por sexo y mantenidos en alimento estándar de laboratorio hasta el momento de realizar los experimentos. La actividad locomotora se estimó como el número de cruces que realiza un individuo en una *hot-box* durante 5 minutos. Los ensayos de actividad fueron realizados a 20, 25, 30 y 35 °C.

Resultados y Discusión: Se observaron patrones diferentes de actividad dependiendo de la temperatura y del sustrato de cría. Además, los individuos criados en *O. sulphurea* fueron más activos a 25 °C respecto de las otras temperaturas evaluadas, mientras que los individuos criados en *T. terscheckii* mostraron mayor actividad a 30 °C. Los resultados indican que el recurso de cría juega un rol importante en la actividad de los adultos de *D. buzzatii*, condicionando nutricionalmente la capacidad de los adultos para afrontar los cambios en la temperatura ambiental. Son necesarios más estudios que permitan entender las diferencias en picos de actividad locomotora, particularmente en moscas criadas bajo condiciones estresantes como es el desarrollo en *T. terscheckii* y la exposición a 30 °C.

Conclusión: Los resultados de este trabajo indican que el recurso larval durante la cría y la temperatura son factores que influyen sobre la actividad locomotora de *D. buzzatii*. Dichos factores generan patrones de actividad diferentes que podrían indicar deficiencias comportamentales cuando esta especie se cría en el recurso secundario, tales como salir a buscar alimento en condiciones de estrés térmico. En conjunto, estos estudios podrían ser relevantes para poder comprender la historia evolutiva de *D. buzzatii*.

Agradecimientos: A la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y Universidad de Buenos Aires.

DISTRIBUCIÓN CITOGEOGRÁFICA Y DIFERENCIAS DE NICHOS CLIMÁTICO EN CITOTIPOS DIPLOIDES Y POLIPLOIDES DE *Campuloclinium macrocephalum* (EUPATORIEA; ASTERACEAE)

GE Farco¹, EMS Moreno¹, GM Via do Pico¹

¹Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE- CONICET). gabyfarco@hotmail.com

Introducción: *Campuloclinium macrocephalum* DC. (Eupatorieae, Asteraceae) (comúnmente llamada “pompom weed”) es una especie nativa de América e introducida en Sudáfrica hace aproximadamente 50 años, donde se convirtió en una maleza altamente invasiva. De acuerdo con el Atlas de plantas invasoras de Sudáfrica puede considerarse una especie pionera que favorece los hábitats perturbados causando una grave degradación de los suelos, disminuyendo la biodiversidad y reduciendo la capacidad de pastoreo al ser desagradable para los herbívoros grandes. Estudios previos indican para la especie un número cromosómico básico de $x=10$ y diferentes niveles de ploidía o citotipos ($2n=20$, $2n=30$ y $2n=40$). Además, se han reportado irregularidades meióticas, citomixis, baja fertilidad polínica, presencia de cromosomas B y reproducción apomíctica. El objetivo de este trabajo fue analizar la distribución geográfica de citótipos de *C. macrocephalum* en Argentina, Paraguay y Uruguay; inferir los factores que influyen en la frecuencia y distribución espacial de los citótipos encontrados a escala regional; y estimar la distribución potencial de la especie en nuevas áreas basadas en modelos de nicho ecológico.

Materiales y Métodos: Se analizó el nivel de ploidía de 140 plantas de poblaciones nativas de Argentina, Paraguay y Uruguay, por medio de recuentos cromosómicos en mitosis y/o meiosis y citometría de flujo. Para analizar la distribución geográfica de los diferentes citotipos se utilizó el software DIVA-GIS. Para el análisis de la diferenciación climática de nichos se utilizó MaxEnt 3.3.3k.

Resultados y Discusión: Se presentan niveles de ploidía para 18 nuevas poblaciones. Los recuentos cromosómicos revelaron $x=10$ para todos los especímenes analizados. Se hallaron poblaciones con citotipo diploide, triploide, tetraploide y pentaploide, y también poblaciones mixtas. Se informa por primera vez un citotipo pentaploide ($2n=5x=50$) y la ocurrencia de aneuploidía. El censo total de citotipos mostró que un 33.34% de las poblaciones son triploides puros, un 33.33% mixtas, 30.96% tetraploides puros y 2.38% diploides puros. Se analizó la distribución geográfica de 42 poblaciones de *C. macrocephalum*. Además, se analizó la provincia de Corrientes (Argentina) a escala regional y las asociaciones con factores ambientales donde se pudo distinguir un patrón claro de distribución de los citotipos.

Conclusión: Nuestros estudios demuestran una posible correlación entre los citotipos diploides y poliploides de *C. macrocephalum*, entre las condiciones ambientales y la distribución geográfica. Los modelos de nicho para *C. macrocephalum* y la distribución geográfica reportada de los citotipos proveen evidencia adicional de que los citotipos están distribuidos de forma no aleatoria con respecto a las condiciones climáticas. Sin embargo, la ocurrencia de apomixis en los citotipos poliploides podría aumentar su potencial para ocupar mayores áreas de distribución. Hasta ahora todos los estudios son preliminares y la dinámica de población de *C. macrocephalum* en Argentina y Sudáfrica no se conoce con certeza. Los resultados de este trabajo sientan las bases y prometen ser el primer paso para futuros estudios con el objetivo de controlar la propagación de la especie y diseñar programas de control biológico en áreas donde es invasiva.

EVOLUCIÓN MORFOLÓGICA DE LAS COLAS EN EL GÉNERO TYRANNUS: COSTOS AERODINÁMICOS Y ORIGEN HOMOPLÁSICO DE LAS COLAS DE LAS TIJERETAS

MN Fasanelli¹, P Milla Carmona², IM Soto¹, DT Turo¹.

1. Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Universitaria, Pabellón II (C1428 EHA), Buenos Aires, Argentina. 2. Laboratorio de Ecosistemas Marinos Fósiles, Instituto de Estudios Andinos Don Pablo Groeber (CONICET-UBA)

Introducción: El género *Tyrannus* está conformado por 13 especies que se distribuyen desde Canadá hasta la Patagonia argentina. La mayoría tiene hábitos migratorios y forrajea desde perchas altas. Las especies de este grupo presentan, al menos, cuatro formas de colas diferentes; incluyendo a 2 especies de tijeretas (*T. forficatus* y *T. savana*), caracterizadas por sus extensas plumas de la cola y por su notable dimorfismo sexual. En aves, las morfologías de las colas afectan el desempeño durante el vuelo, la migración, el comportamiento de forrajeo e incluso el despliegue de cortejo. Cuando estas presentan características extremas o conspicuas, como en el caso de las tijeretas, se propone a la selección sexual como su principal fuerza evolutiva. Sin embargo, muchas veces no se examinan los costos asociados a otros componentes del fitness. Asimismo, qué factores determinan las variaciones morfológicas observadas no siempre son evaluados a la luz de las relaciones filogenéticas del grupo. Estas últimas no solo permiten estudiar tasas y patrones de evolución, sino que también la presencia de convergencias.

En este estudio analizamos el patrón de evolución morfológica de las colas en el género, relacionándolo con indicadores de eficiencia de vuelo para determinar la existencia de costos. Además, evaluamos el nivel de homología de las formas de las colas de las tijeretas. Utilizando la filogenia datada más reciente del género, y describiendo las morfologías de las colas de todas las especies mediante morfometría geométrica, establecimos:

- La eficiencia aerodinámica (cociente *sustentación/lastre*) de las colas de cada especie
- Los grados de dimorfismo sexual.
- El filomorfoespacio del grupo.

Resultados y Discusión: La eficiencia aerodinámica varió entre las especies. Cerca de la región de máxima optimización aerodinámica del morfoespacio se ubicaron 11 de las 13 especies del género. Más alejadas se encontraron las dos especies de tijeretas que presentaron un cociente de *área de sustentación/área de lastre* extremadamente bajo. El aumento exagerado del largo de las plumas externas en dichas especies ha sido acompañado de una reducción del tamaño de la superficie de la base de la cola, la cual genera la sustentación durante el vuelo. Esto sugiere la existencia de un compromiso en la asignación de recursos entre la optimización del vuelo y la ornamentación. *T. forficatus* y *T. savana*, presentaron un dimorfismo sexual superior al de las restantes 11 especies del género, y dichas diferencias no comparten magnitud ni dirección del cambio al comparar hembras y machos. A la luz de la filogenia, estos rasgos exagerados fueron desarrollados de manera homoplásica por convergencia. Además *T. tyrannus* exploró configuraciones más exacerbadas que *T. forficatus* en menos tiempo desde la divergencia de los respectivos ancestros comunes.

COMPETENCIA ESPERMÁTICA EN *Drosophila antonietae*

L Fernandez Goya¹, JP Hurtado^{1,2}, ER Hasson^{1,2}

¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CABA, Argentina. ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, CONICET, CABA, Argentina.

luluf.goya@gmail.com

Introducción: La poliandria posibilita la coexistencia de espermatozoides de distintos machos en el tracto reproductivo de una hembra. Esta coexistencia genera las condiciones para que ocurra competencia espermática (CE). La CE es considerada un componente dominante de la selección sexual ya que puede imponer intensas presiones selectivas sobre los machos. Además, es probable que la CE actúe no sólo como un motor de adaptaciones, sino también como un agente impulsor de la especiación al promover el advenimiento de incompatibilidades reproductivas entre especies incipientes. Trabajos previos han abordado el estudio de la intensidad de la competencia espermática en *D. buzzatii* y *D. koepferae*, dos especies del género *Drosophila* pertenecientes al cluster *buzzatii* del grupo *repleta* (Hurtado et al 2013). Los resultados obtenidos muestran que las presiones selectivas impuestas por la CE pueden diferir enormemente entre las especies de este grupo. Por tanto, en este trabajo nos propusimos extender estos estudios a una tercer especie del cluster *buzzatii*: *D. antonietae*, y así esclarecer el papel de la CE como motor evolutivo de adaptaciones en un grupo de especies de reciente divergencia.

Materiales y Métodos: Para evaluar la intensidad de la CE nos propusimos estimar la proporción de espermatozoides funcionales transferidos por un macho durante la cópula que perecen y no consiguen la fecundación a causa de la CE. Para ello, integramos los resultados de tres experimentos en los que determinamos 1) la duración del periodo refractario, en el cual las hembras permanecen no receptivas luego de copular, 2) la velocidad con la que las hembras utilizan el esperma almacenado para fecundar sus huevos, y 3) la proporción de esperma desplazado por el esperma de otro macho cuando las hembras reaparean.

Resultados y Discusión: Los dos primeros experimentos hacen evidente que existe el riesgo de CE en *D. antonietae*. Nuestros resultados indican que las hembras reaparean generalmente antes de las 3 horas, y, según el modelo propuesto, al cabo de ese tiempo la proporción de esperma utilizado es del 6%. Además, observamos que la fecundidad de la hembra no se vio modificada por tener más de una pareja sexual, lo cual implica que la CE necesariamente impone un costo en el éxito reproductivo de los machos de esta especie.

El experimento de desplazamiento de esperma indicó que el orden de cópula no afecta la probabilidad de éxito reproductivo o fertilidad de los machos involucrados.

Conclusión: En *D. antonietae*, debido a la rápida recuperación de la receptividad sexual de las hembras, el riesgo de que espermatozoides de más de un macho coexistan en el tracto reproductivo de una misma hembra es muy elevado. Dado que la coexistencia de espermatozoides de múltiples machos impone un costo reproductivo para los mismos, podemos concluir que la competencia espermática en esta especie representa una fuerza selectiva intensa: Estimamos que entre el 50 y el 96% de los espermatozoides no consigue la fecundación a causa de la competencia espermática.

WING LOADING Y WING ASPECT: ESTIMADORES DE LA CAPACIDAD DE VUELO EN POBLACIONES NATURALES DE *Drosophila melanogaster*

N Flaibani^{1,2}, VE Ortiz^{1,2}, JJ Fanara^{1,2}, VP Carreira^{1,2}

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Universitaria, Buenos Aires, Argentina. ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB – CONICET/UBA), Buenos Aires, Argentina.

n.flaiiba@hotmail.com

Introducción: La capacidad del vuelo en los insectos alados constituye un factor clave vinculado con el *fitness*, ya que afecta distintos comportamientos (interacción social, búsqueda de alimento, evasión de predadores, etc). Se ha postulado que dicha capacidad, está influenciada por diversas características morfológicas en función de distintos gradientes ambientales. Los gradientes altitudinales, por ejemplo, se caracterizan por un rápido descenso de la temperatura y presión del aire. La disminución de la temperatura disminuye las tasas de las reacciones fisiológicas, mientras que la menor presión del aire podría dificultar el vuelo de los insectos debido a que la fuerza aerodinámica producida por el aleteo aumentaría con la densidad del aire. Para analizar la capacidad de vuelo se utilizan diferentes estimadores como la capacidad de carga alar (*wing loading*, WL) y el aspecto alar (*wing aspect*, WA). El objetivo del presente trabajo fue analizar la capacidad de vuelo a través de éstos estimadores en poblaciones naturales provenientes de distintas altitudes en dos temperaturas de cría. Dado que se predice una relación directa entre la capacidad de vuelo y la altitud y, consecuentemente, inversa con la temperatura; se espera que el WL disminuya con la altitud y aumente con la temperatura, mientras que ocurriría lo opuesto con el WA.

Materiales y Métodos: Se utilizaron moscas provenientes de dos poblaciones localizadas en la provincia de Mendoza: Lavalle (altitud 580 m) y Uspallata (1915 m de altitud). Las mismas fueron criadas en condiciones controladas en dos temperaturas diferentes (17 y 25 °C). El WL fue estimado mediante el cociente entre longitud del tórax y longitud del ala en tanto que al WA se lo computó como la relación entre longitud del ala y ancho del ala. Los valores de los estimadores se analizaron mediante modelos lineales generalizados en función de las variables fijas: Sexo, Población y Temperatura.

Resultados y Discusión: Los resultados indican que el WL y el WA difieren entre poblaciones ($p < 0.01$), indicando que hay diferencias genéticas entre Uspallata y Lavalle; y que la temperatura de cría afecta significativamente ($p < 0.01$) ambos índices sugiriendo que WL y WA presentan plasticidad fenotípica. Los menores valores de WL se registraron para la población de Uspallata y en moscas criadas a 17°C en tanto que para el WA se observó el patrón inverso. En particular se detectó que la interacción población por temperatura fue significativa para el WL ($p < 0.01$) revelando que la plasticidad fenotípica depende de la población analizada. En este sentido, al calcular el índice de plasticidad fenotípica ($PPI = \frac{WL_{25^\circ C} - WL_{17^\circ C}}{WL_{25^\circ C}}$) por población, se observó que Lavalle presenta un PPI mayor que el de Uspallata lo cual podría explicarse por la mayor amplitud térmica manifestada en Lavalle. Además, se detectó dimorfismo sexual para el WA ya que las hembras exhibieron un valor de WA significativamente mayor que los machos ($p < 0.01$).

Conclusión: Los resultados concuerdan con las predicciones enunciadas ya que la capacidad de vuelo, estimada a partir del WL y el WA, se incrementa en la población ubicada a mayor altitud y en condiciones más frías. A partir de este estudio proponemos analizar la arquitectura genética de la capacidad de vuelo y su relación con la morfología en *Drosophila*.

LA MANO DE *TETRACYNODON* (THERAPSIDA: THEROCEPHALIA) DEL TRÍASICO INFERIOR DE SUDÁFRICA REVELA HABILIDADES CAVADORAS LUEGO DE LA EXTINCIÓN PÉRMICO-TRIÁSICO

G Fontanarrosa¹, F Abdala², S Kümmel³, R Gess⁴

¹Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-Universidad Nacional de Tucumán, Argentina. ²Unidad Ejecutora Lillo, CONICET, Argentina. ³Evolutionary Studies Institute, University of the Witwatersrand, South Africa. ⁴Witten/Herdecke University, Germany. ⁵Albany Museum, Grahamstown, South Africa.

gab.fontanarrosa@gmail.com

La mano es una estructura de gran relevancia ecomorfológica ya que actúa como una inter-fase de los organismos en su relación con el medio. A pesar de brindar valiosos detalles sobre la ecología de grupos extintos, los estudios de manos fósiles son relativamente escasos debido principalmente a que existen sesgos históricos desfavorables a la colecta de postcráneos y a que los hallazgos tienden a ser fragmentarios y desarticulados. Hemos desarrollado una descripción comparativa de la particularmente bien preservada mano de *Tetracynodon* AM 3677 del Triásico temprano de Sudáfrica. Este estudio exhaustivo desde perspectivas cualitativas y cuantitativas de la anatomía ósea de las manos de terocéfalos comprendió una muestra de 18 especímenes pertenecientes a un mínimo de 12 géneros. Estos comprenden grupos basales de terocéfalos (*Lycosuchidae* y *Scylacosauridae*), como así también *Akidnognathidae*, *Whaitsiidae* y *Baurioidea*. Temporalmente un rango de 23 millones de años (Wordiano a Anisiano) en el Pérmico-Triásico. Un análisis de componentes principales basado en medidas de los huesos de la mano revela que a) los metacarpales II, III y IV actúan como un módulo en el que los elementos metacarpales distantes al eje de la mano (metacarpal I y V) quedan excluidos y varían independientemente; b) elementos del carpo proximal del carpo: ulnar y radial, muestran variaciones opuestas entre sí; c) existe una coherencia morfológica entre las manos de los linajes pérmicos y entre los linajes triásicos dado que estos ocupan regiones bien delimitadas en el morfo-espacio resultante del ACP. Este patrón de agregación morfológica por periodo geológico sugiere un proceso selectivo luego de la extinción Pérmico-Triásica favorable a taxones con manos gráciles y metacarpales II, III y IV alargados. Nuestros resultados cualitativos mostraron una condición heterogénea respecto al carpal distal V, que tradicionalmente se consideró ausente en *Therocephalia*. Esto evidencia que una historia evolutiva más compleja para el carácter. Mostramos que de hecho existen al menos 3 estados para el carácter: ausente por fusión al carpal distal IV, ausente por no haberse osificado y presente. Adicionalmente una serie de características incluyendo la presencia de falanges ungueales proporcionalmente largas respecto a la longitud del dedo en dos dedos consecutivos (III y IV), falanges ungueales lateralmente comprimidas y altas en su base, falanges basales anchas y falanges no terminales cortas sugieren fuertemente que *Tetracynodon* fue un animal cavador.

MANO DE UNA LAGARTIJA CRETÁCICA PRESERVADA EN ÁMBAR REVELA UNA MORFOLOGÍA ESCANSORIAL SORPRENDENTEMENTE MODERNA

G Fontanarrosa¹, JD Daza², AM Bauer³, V Abdala^{1,4}

¹Instituto de Biodiversidad Neotropical CONICET-Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo. San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina. ²Sam Houston State University, Department of Biological Sciences, Huntsville, Texas, USA. ³Villanova University, Biology Department, Villanova, Pennsylvania, USA.; ⁴Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Tucumán, Argentina. gab.fontanarrosa@gmail.com

El origen de Gekkota, el clado que contiene a geckos y pigopodidos, se cree ocurrió en el Cretácico inferior. Los registros fósiles más antiguos están representados principalmente por elementos del esqueleto axial. La relativamente escasa información paleontológica de los miembros se ve reflejada en las interpretaciones muy reducidas sobre el origen de los hábitos escansoriales. Luego de su incierto origen, la escansorialidad evolucionó generando un patrón de amplia distribución en el clado sumado a una gran diversidad ecomorfológica. En este trabajo presentamos una mano de Squamata fósil preservada en ámbar (MCZ R-190835) proveniente de afloramientos cretácicos-medios de la provincia de Kachin, en el norte de Myanmar (Asia), Myanmar (Asia) alojado en el “*Museum of Comparative Zoology, Harvard*”. La mano exhibe todos los hueso del carpo, metacarpo y dígitos. Adicionalmente contiene restos de estructuras escansoriales como impresión de almohadillas adhesivas y pares de elementos parafalangeales putativos. Así este fósil documenta la presencia temprana de estas estructuras altamente especializadas hace al menos 100 millones de años atrás. En este trabajo hemos analizado en detalle la mano teniendo en cuenta aspectos anatómicos cualitativos como así también evaluamos las afinidades biométricas de MCZ R-190835 respecto a Squamata actuales aplicando un análisis discriminante (LDA) basado en 34 variables osteológicas de la mano. La muestra incluyó miembros de 15 familias actuales de Squamata (Agamidae, Dactyloidae, Diplodactylidae, Eublepharidae, Gekkonidae, Gymnophthalmidae, Iguanidae, Leiosauridae, Liolaemidae, Phyllodactylidae, Polychrotidae, Scincidae, Sphaerodactylidae, Teiidae y Tropicuridae). El LDA predice la ubicación de MCZ R-190835 en una zona del morfoespacio en donde algunos Gekkota se anidan entre los Scincomorpha mostrando una superposición parcial de estos linajes. Sin embargo, rasgos cualitativos en nuestros resultados nos permiten apoyar la asignación de MCZ R-190835 a Gekkota. Podemos mencionar entre estos la dilatación distal de algunas falanges y la presencia de elementos parafalangeales que son exclusivos de unas pocas especies de geckos de las familias Gekkonidae y Phyllodactylidae. Esta ambigüedad en la asignación de ésta mano fósil resulta particularmente interesante dado que tanto Scincidos (Scincomorpha) y geckos desarrollaron convergentemente escansorialidad basado en almohadillas adhesivas.

HISTORIA EVOLUTIVA DE *Sceloporus gadsdeni*: UN LACERTILIO ENDÉMICO DEL DESIERTO CHIHUAHUENSE EN MÉXICO

JM García Enríquez¹, B Díaz Cárdenas², LP Castro Félix¹, E Ruíz Sánchez³, ⁴H Gadsden

¹Departamento de Biología celular y molecular, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Camino Ramón Padilla Sánchez 2100, Nextipac, 44600 Zapopan, Jalisco, México.

²Instituto de Ecología, A.C., Carretera Antigua a Coatepec No. 351, El Haya, 91070 Xalapa, Veracruz, México.

³Departamento de Botánica y Zoología, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Camino Ramón Padilla Sánchez 2100, Nextipac, 44600 Zapopan, Jalisco, México.

⁴Instituto de Ecología, A.C., Centro Regional del Bajío, Av. Lázaro Cárdenas 253, Centro, 61600 Pátzcuaro, Michoacán, México. jmanbio@gmail.com

Introducción: La lagartija espinosa de la laguna, *Sceloporus gadsdeni* Castañeda-Gaytán y Díaz-Cárdenas, es una especie de lacertilio saxícola de reciente descripción. Su distribución se encuentra restringida a tres sierras de La Comarca Lagunera, al suroeste de Coahuila en el Desierto Chihuahuense en México. La historia evolutiva de una especie nos permite conocer la respuesta a los cambios ambientales a los que ha sido sometida. En este trabajo se examinó la historia evolutiva de *S. gadsdeni* a través de los métodos de la Filogeografía, obteniendo información histórica a partir de secuencias de ADNmt para tratar de inferir los procesos que influyeron en los cambios demográficos y los patrones filogeográficos de esta especie.

Materiales y Métodos: Secuenciamos tres regiones del genoma mitocondrial (ND1, ND4 y 12S) de 46 individuos que representaban el rango de distribución de la especie *S. gadsdeni*. Estimamos el tiempo de divergencia de *S. gadsdeni* respecto a su grupo hermano, *S. cyanostictus*, mediante un análisis de reloj molecular utilizando las secuencias mitocondriales. La diversidad genética fue analizada con los índices de diversidad nucleotídica (π) y haplotípica (h) y generamos una red de haplotipos. La historia demográfica fue inferida a partir de la estimación de los índices demográficos F_s de F_u , D de Tajima, y del análisis de las distribuciones *mismatch*. Por último, los cambios en el tamaño efectivo poblacional a través del tiempo fueron inferidos a partir del análisis Bayesiano de *Skylineplot*.

Resultados y Discusión: El análisis de reloj molecular reveló que *S. gadsdeni* divergió de *S. cyanostictus* hace 1.92 millones de años, es decir, durante el Gelasiense del Pleistoceno. Respecto al análisis de diversidad genética, los valores de diversidad haplotípica fueron de $h=0.919$ y los de diversidad nucleotídica $\pi=0.00147$, lo que indica la presencia de un número relativamente alto de haplotipos en la población (un total de 21) que se diferencian entre sí por pocos cambios nucleotídicos. La red de haplotipos resultante presentó un patrón estrellado, típicamente presente en poblaciones que han experimentado expansiones poblacionales. Los valores de los índices demográficos F_s de F_u ($F_s = -15.590$, $p<0.05$) y D de Tajima ($D = -1.90277$, $p<0.05$), así como el análisis de las distribuciones *mismatch* ($r = 0.087$, $p>0.05$) muestran evidencia de expansión poblacional. El análisis Bayesiano de *Skylineplot* señala una expansión poblacional constante en *S. gadsdeni*, tendiendo a la estabilidad conforme se acerca a la actualidad.

Conclusiones: Los resultados de este trabajo sugieren que *S. gadsdeni* ha estado experimentado una expansión poblacional desde hace aproximadamente 30 mil años. Investigaciones de este tipo representan una referencia importante para evaluar las potenciales respuestas de las especies a cambios actuales o futuros.

CAMBIAN LOS LUGARES, CAMBIAN LAS FORMAS...: EL CONTEXTO DE POLINIZACIÓN Y LA FORMA FLORAL DE *Nicotiana glauca* EN EL RANGO NATIVO E INVADIDO

MM García¹, SM Benítez-Vieyra¹, F Sazatornil¹, V Paiaro¹

¹Laboratorio de Ecología Evolutiva - Biología Floral. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV, CONICET-UNC). macagarcia.1994@gmail.com

La introducción de especies en nuevos ambientes generalmente involucra cambios drásticos en los regímenes de selección que pueden causar evolución adaptativa. Los polinizadores, considerados tradicionalmente el principal agente de selección floral, pueden variar substancialmente entre ambientes nativos e invadidos. Esta diferenciación puede resultar en la variación espacial de los patrones selectivos que actúan sobre los rasgos florales de las especies invasoras. *Nicotiana glauca* R. Graham (Solanaceae) es una planta nativa de Sudamérica, donde es polinizada exclusivamente por picaflores. Esta especie ha invadido diversas regiones del mundo, en algunas de las cuales es visitada por polinizadores locales, como las aves Nectariniidae en Sudáfrica, mientras que en otras áreas, como la región mediterránea, donde no hay aves polinizadoras, se reproduce exclusivamente de manera autógena. Estos tres contextos pueden imponer diferentes patrones de selección sobre la forma de la corola. En particular, picaflores y aves Nectariniidae difieren en tamaño, formas de pico (recta y curva, respectivamente) y comportamiento (vuelo suspendido y desde una percha, respectivamente). Para evaluar el efecto de los diferentes contextos de polinización sobre la evolución de la forma floral en *N. glauca*, se estudiaron dos poblaciones polinizadas por picaflores en Sudamérica, dos poblaciones polinizadas por aves Nectariniidae en Sudáfrica y dos poblaciones sin polinizadores en la región mediterránea. A partir de herramientas de morfometría geométrica se determinó la forma y el tamaño del centroide de tres flores por individuo en 60 a 100 individuos por población y se examinó la variación de la forma floral dentro y entre poblaciones. Mediante análisis de selección fenotípica se evaluó la asociación entre estos rasgos florales y la proporción de fructificación en cada población. La forma floral varió principalmente en el ancho y la curvatura de la corola. Las plantas de las poblaciones nativas se caracterizaron por tener flores más grandes con tubos corolinos más anchos y rectos, mientras que las plantas de las poblaciones introducidas, tanto de Sudáfrica como de la región mediterránea, presentaron flores más pequeñas con tubos más angostos y curvos, formas poco comunes entre las plantas de las poblaciones nativas. La variabilidad de la forma floral fue, por otra parte, mayor en las poblaciones nativas. La curvatura y el tamaño de la corola fueron rasgos sujetos a selección en algunas de las poblaciones estudiadas. Mientras que en una población nativa se encontró selección estabilizadora a favor de tubos corolinos más rectos, en una población sudafricana se observó selección estabilizadora a favor de tubos más curvos. Respecto al tamaño de las flores, se encontró selección direccional negativa en una población nativa y selección direccional positiva en una población sudafricana. Por su parte, en las poblaciones de la región mediterránea no se observaron gradientes de selección significativos sobre ninguno de los rasgos estudiados. Estos resultados indican que la forma floral de *N. glauca* tiene la capacidad de evolucionar y adaptarse rápidamente, incluso en el nuevo ambiente, en respuesta a la selección ejercida por los polinizadores locales (picaflores o aves Nectariniidae), mientras que la ausencia de polinizadores no actuaría como una fuerza selectiva sobre este rasgo. La capacidad adaptativa encontrada sugiere la versatilidad de la especie para cambiar según el contexto, lo cual podría facilitar su proceso de invasión.

DIME CON QUIÉN ANDAS Y TE DIRÉ CÓMO ERES: EL CASO DE UN GÉNERO ANDINO DE SOLANACEAEAC Ibañez¹, M Moré¹, RA Raguso², GE Barboza¹, AA Cocucci¹

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, UNC-CONICET, Córdoba, Argentina. ²Departamento de Neurobiología y Comportamiento, Universidad de Cornell, Ithaca, Nueva York, USA.

acibanez@imbiv.unc.edu.ar

La polinización biótica es considerada factor clave en la diversificación de los principales grupos de plantas, aunque la existencia de síndromes de polinización es controvertida. La evidencia proveniente de estudios filogenéticos es ambigua acerca de la asociación entre los síndromes y los agentes dispersores de polen. El género *Salpichroa* Miers (Solanaceae) se distribuye principalmente en áreas acotadas de los Andes sudamericanos y consta de 22 especies que muestran una marcada variación en el fenotipo floral, por ejemplo, una gran diferencia en la longitud del tubo floral: *S. organifolia* presenta un tubo de 7,5 mm, mientras que *S. didierana*, uno de 118 mm. En este trabajo queremos determinar si esta variación inter-específica está asociada con cambios en el modo de polinización. Para esto reconstruimos la historia filogenética y cuantificamos cuatro rasgos florales relevantes en la atracción y encaje funcional con los polinizadores: morfología, fragancia, color y néctar. También identificamos polinizadores en poblaciones naturales. Mediante reconstrucción filogenética recuperamos dos grandes clados, uno que agrupa las especies con flores de tubo corto que se encuentran en los extremos del rango latitudinal (México y Argentina), y otro que agrupa el resto de las especies intervinientes. Este último grupo incluye las especies polinizadas por colibríes, que muestran un claro síndrome de ornitofilia, esto es la combinación de flores amarillas, sin fragancia, ricas en néctar, con corolas de tubos muy largos. Un análisis multivariado, que incluyó los rasgos florales y el modo de polinización, mostró dos grandes grupos parafiléticos, uno conformado por las especies ornitófilas, y otro compuesto por aquellas de flores cortas, polinizadas por insectos. La reconstrucción ancestral de los caracteres florales y el modo de polinización sugiere que el síndrome ornitófilo habría evolucionado recientemente. Nuestros resultados sugieren que la diversificación floral en el género *Salpichroa* es coincidente con una adaptación a diferentes agentes polinizadores.

EFFECTOS ECO-FISIOLÓGICOS DEL ESTRÉS HÍDRICO EN PLÁNTULAS DE POBLACIONES CENTRALES Y MARGINALES DE *Nothofagus pumilio*

G Ignazi¹, SJ Bucci², AC Premoli¹

¹Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (UNCo- CONICET). ²INBIOP (CONICET-UNPSJB).
griseldaignazi@gmail.com

Las poblaciones ubicadas hacia los extremos de su rango de distribución se denominan poblaciones marginales. Su estudio es relevante porque pueden presentar adaptaciones a ambientes particulares y de base genética cruciales para la persistencia de las especies en el contexto del cambio climático global. *Nothofagus pumilio* "lenga" es una especie tolerante al frío que domina los ambientes de montaña y las altas latitudes de Patagonia. Usualmente define el límite altitudinal superior del bosque y domina el ecotono entre los bosques y la vegetación subandina. Si bien se ha estudiado la variación latitudinal y altitudinal para caracteres adaptativos y neutrales, se desconoce la potencial respuesta al estrés hídrico principalmente en poblaciones ubicadas en los extremos del gradiente longitudinal de precipitación. El objetivo de este trabajo es comparar las respuestas eco-fisiológicas a experimentos de déficit hídrico sobre plántulas de poblaciones centrales y marginales de *Nothofagus pumilio* identificando si existen diferencias adaptativas y/o plásticas entre ambos tipos de poblaciones.

Durante noviembre de 2016, se expusieron plántulas de tres años de edad de origen central y marginal a dos tratamientos hídricos contrastantes: control y déficit en jardín común. Se evaluó el intercambio gaseoso, las relaciones hídricas y la morfología foliar en hojas seleccionadas al azar. Se utilizó una cámara de intercambio de gases para medir la asimilación máxima (A_{net}), la conductancia estomática (g) y la eficiencia en el uso de agua (WUE). Con bomba de Schölander se midieron los potenciales hídricos máximo (ψ_{pd}) y mínimo (ψ_{md}). Por microscopía óptica se determinó la densidad de estomas. Sobre las hojas escaneadas se evaluaron caracteres de morfología foliar: largo, ancho, perímetro, factor de forma, relación ancho/largo y área foliar. Las hojas fueron luego secadas en estufa para medir el peso seco y calcular el área foliar específica.

Las poblaciones marginales tuvieron significativamente mayor A_{net} y WUE en el tratamiento de déficit que las poblaciones centrales. Los ψ_{pd} y ψ_{md} resultaron significativamente menores en las plántulas bajo déficit hídrico que en las plántulas del tratamiento control. El ψ_{md} del tratamiento control fue significativamente menor en plántulas de origen central que marginal, sin embargo, bajo déficit hídrico este patrón se invirtió. No se hallaron diferencias significativas en las características morfológicas foliares analizadas entre poblaciones centrales y marginales. Estos resultados sugieren que las poblaciones marginales presentan características adaptativas vinculadas al intercambio gaseoso y relaciones hídricas que les otorgan mayor tolerancia al déficit hídrico. De esta manera se destaca su importancia para la conservación de la especie frente a la tendencia en el aumento de las temperaturas medias de verano, alteración en los balances hídricos e intensidad de las sequías en el Norte de la Patagonia.

RESPUESTA DIFERENCIAL EN LA EMISIÓN DE COMPUESTOS ORGÁNICOS VOLÁTILES EN SOJA (*Glycine max*) FRENTE A LA HERBIVORÍA DE ESPECIES NATIVAS Y EXÓTICAS DE HEMÍPTEROS PENTATÓMIDOS FITÓFAGOS

G Irigoyen Bordarampé¹, VG Jacobi^{1,2}, PC Fernandez³, JA Zavala^{1,2}

¹Cátedra de Bioquímica, FAUBA. ²INBA-CONICET, Instituto de Investigaciones en Biociencias Agrícolas y Ambientales. ³INTA, EEA Delta del Paraná.

Introducción: En Argentina, la principal plaga en la etapa reproductiva del cultivo de soja está representada por el complejo de hemípteros pentatómidos fitófagos. Entre las especies que integran este complejo se destacan las chinches exóticas, chinche verde (*Nezara viridula*) y la chinche de la alfalfa (*Piezodorus guildinii*), y la nativa chinche de los cuernos (*Dichelops furcatus*). El daño que provocan estos hemípteros en el cultivo de soja presenta un marcado gradiente a pesar de que la morfología del aparato bucal es muy similar entre sí. *D. furcatus* es la que produce menor daño, pasando por *N. viridula*, hasta *P. guildinii* que provoca el daño más severo. Esta disparidad en la magnitud del daño se atribuye a diferencias en la composición de la saliva de estas tres especies. Por otro lado, las plantas censan el daño causado por los herbívoros, y responden en consecuencia. Entre las defensas indirectas de las plantas se destacan los compuestos orgánicos volátiles (COVs) relacionados a la herbivoría, los cuales suelen estar vinculados con el reclutamiento de parasitoides y predadores, controlando así, indirectamente, la población de herbívoros. En los agroecosistemas el principal control de estos hemípteros está a cargo de parasitoides generalistas, siendo las larvas de *Trichopoda* sp. (Diptera: Tachinidae) los principales parasitoides de *N. viridula*, de *Hexacladia smithii* (Hymenoptera: Encyrtidae) de *D. furcatus* y de *Telenomus* sp. (Hymenoptera: Scelionidae) de *P. guildinii*. El objetivo de este trabajo fue determinar si existen diferencias en la emisión de COVs en dos variedades de soja frente a la herbivoría por *N. viridula*, *P. guildinii* y *D. furcatus*.

Materiales y Métodos: Se seleccionaron dos variedades de soja contrastantes en cuanto a su susceptibilidad frente al ataque de chinches, Williams (susceptible) y BRM (resistente). El trabajo se llevó a cabo en el campo experimental de FAUBA. Se sembraron los genotipos en tres bloques completamente aleatorizados. Los tratamientos consistieron en daño por herbivoría por *N. viridula*, *P. guildinii* y *D. furcatus*. Luego de 24 hs de infringir el daño se procedió a colectar los COVs por seis horas, para su posterior análisis por cromatografía gaseosa acoplada a espectrometría de masas. Como controles se colectaron los COVs de plantas sin inducción y con daño mecánico.

Resultados y Discusión: Se observaron diferencias cualitativas y cuantitativas en cuanto a la emisión de volátiles de ambas variedades de soja luego del daño por herbivoría de *N. viridula*, *P. guildinii* y por daño mecánico, principalmente en volátiles de hojas verdes (GLVs) y sesquiterpenos. Para las dos variedades de soja no se observaron diferencias entre los volátiles colectados en plantas sin daño y aquellas inducidas por *D. furcatus*.

Conclusión: Se observó que la herbivoría por parte de las especies que causan un mayor daño en el tejido vegetal (*P. guildinii* y *N. viridula*) indujo un cambio en el perfil de COVs más drástico al compararlo con el producido por la especie nativa (*D. furcatus*), la cual no indujo cambios detectables en la emisión de volátiles en el tiempo considerado en el experimento. Esta emisión diferencial de COVs brinda señales distintivas que podrían ser usadas por los parasitoides de estas especies para localizar a su hospedador.

BARRERAS REPRODUCTIVAS ENTRE ESPECIES SIMPÁTRICAS DE *Nothofagus*. ¿PRE O POSTPOLINIZACIÓN?

Juri¹ G, AC Premoli²

¹Instituto de Investigaciones en Recursos Naturales, Agroecología y Desarrollo Rural (IRNAD), Universidad Nacional de Río Negro, Río Negro. ²Laboratorio Ecotono, Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medio Ambiente (INIBIOMA-CONICET), Universidad Nacional del Comahue, Río Negro. gabrielajuri@gmail.com

Lenga (*N. pumilio*), Ñire (*N. antarctica*) y Coihue (*N. dombeyi*) son especies endémicas del bosque andino patagónico que ocurren en simpatria en muchos sitios. Son capaces de hibridar en condiciones naturales pero pese a esto se diferencian ecológica y genéticamente. El objetivo del trabajo es analizar la fenología floral para identificar y clarificar las barreras de aislamiento reproductivo entre estas tres especies simpátricas. Se trabajó bajo la hipótesis de que existe un cierto grado de aislamiento prepolinización causado por baja superposición fenológica. El monitoreo de la fenología floral comenzó en Octubre 2016, en tres sitios ubicados en la localidad de Cholila, Chubut. En cada sitio se seleccionaron cinco árboles de cada especie presente y se marcaron tres ramas portadoras de yemas floríferas. El criterio de selección de las ramas priorizó su orientación Norte y su accesibilidad para realizar las observaciones. El intervalo promedio entre observaciones fue de 8 días. Se registró (A) el estado fenológico o fenofase de los brotes vegetativos, (B) la fenofase de las inflorescencias estaminadas y (C) porcentaje de flores pistiladas en anthesis. Las flores estaminadas se clasificaron dentro de alguna de las siguientes fenofases: (FI) primordios florales visibles y flores comenzando su expansión, estambres cubiertos por el perigonio; (FII) perigonio abierto, estambres bien empaquetados y filamentos sin elongar; (FIII) estambres exertos con anteras aun cerradas; (FIV) anteras abiertas y polen liberado. Se estableció, para cada especie y sitio, el porcentaje de flores en cada fenofase. Se registró inicio y duración de cada fenofase de los árboles y la duración total del periodo de liberación de polen. Además, se monitoreó la fenología foliar con el fin de analizar el grado de correspondencia temporal entre el inicio del crecimiento vegetativo y reproductivo siguiendo el mismo protocolo que para la fenología floral. Las fenofases foliares fueron: (F1) yemas en reposo, (F2) yemas activas, (F3) hojas en expansión y (F4) hojas completamente expandidas. Se analizó el grado de superposición fenológica tanto foliar como floral de los árboles y especies en los distintos sitios. Al inicio del muestreo, Octubre 2016, los brotes anuales de las Lengas eran perfectamente distinguibles y todos los árboles de la muestra se encontraban en F3. Para la misma fecha los brotes anuales de Ñires y Coihue estaban en F2, aún sin hojas en expansión. A mediados de Octubre, Ñire y Coihue comenzaron el crecimiento de sus brotes anuales y la expansión de sus primeras hojas. Las tres especies alcanzaron la madurez foliar hacia fines de Noviembre. En cuanto a la fenología floral, FI es la fenofase más duradera para Ñire y Coihue prolongándose hasta fines de Octubre. Los siguientes estadios se suceden rápidamente y a fines de Octubre comienza la liberación del polen en ambas especies. A principios de Octubre la mayoría de las flores de Lenga estaban en FII y FIII y al finalizar el mes todas habían liberado su polen. La fenología de las poblaciones de Lenga mostró pequeñas variaciones en cada sitio, pero siempre bajo un patrón general: las flores pistiladas comienzan a ser receptivas antes de la liberación masiva del polen. Las flores pistiladas de las dos poblaciones de Coihue estudiadas comenzaron a madurar al mismo tiempo, pero se desarrollaron más rápido en uno de los sitios. Lo mismo ocurrió con la liberación de polen en estas poblaciones. Es posible que esto se vincule con las diferencias en la insolación de cada sitio. En el caso de los Ñires, las flores pistiladas de uno de los sitios maduraron antes de la liberación masiva del polen, pero en el otro sitio el patrón fue inverso. Cuando las flores pistiladas de Lenga comenzaron a ser receptivas, la mayoría de las flores estaminadas de Ñire y Coihue estaban aún inmaduras. Las flores pistiladas de Ñire y Coihue abrieron pasada la liberación de polen de Lenga. La floración de los Ñires y Coihues estudiados ocurrió en simultáneo. Las Lengas comienzan su crecimiento estacional tempranamente y lo sostienen durante toda la primavera. Ñires y más aún Coihues, comienzan tardíamente y se desarrollan muy rápido, en unas pocas semanas. Dentro de un mismo sitio, la ventana para cruza naturales es corta. En este contexto en el que el polen conespecífico es más abundante que el foráneo las cruza son, estadísticamente, poco probables. Tal vez sea más frecuente la cruza que toma la flor de Ñire como receptora de polen de Coihue o Lenga. Algo similar ocurre entre Lengas y flores pistiladas de Coihue. Durante este muestreo sólo se monitorearon Ñires del extremo superior de su rango altitudinal. Uno de los aspectos más notorios es que la fenología floral de los Ñires de altura sigue un ritmo casi idéntico al de los Coihues. En este contexto, una población de Ñires que está en altura (1200 m) podría fecundar flores de coihue que estén sobre la misma ladera pero más abajo.

PLASTICIDAD FENOTÍPICA POBLACIONAL DEBIDA AL RECURSO DE CRÍA LARVAL EN LA MOSCA INVASORA *Zaprionus indianus*: ¿FACTOR QUE APORTA A LA INVASIVIDAD?

NJ Lavagnino^{1,2}, M Imberti^{1,2}, N Flaibani^{1,2}, V Ortiz^{1,2}, JJ Fanara^{1,2}

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. ²IEGEB-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. nlavagnino@gmail.com

Introducción: *Zaprionus indianus* Gupta (1970) es un drosophilido (Diptera: Drosophilidae) originario de la región Afrotropical que, desde su ingreso a Brasil en 1999, se extendió a todo el continente americano. Los diferentes estadios de *Z. indianus* oviponen, se desarrollan y se alimentan en numerosas especies de plantas con frutos, por lo que se la clasifica como una especie generalista polífaga. La invasión reciente de esta especie generalista polífaga se presenta como un escenario adecuado para evaluar el aporte de la selección natural y la plasticidad fenotípica, como mecanismos propios de la Teoría Evolutiva, a la invasividad de *Z. indianus*. Entonces, el objetivo principal del presente trabajo fue estudiar y comparar los patrones de plasticidad fenotípica que presentan las poblaciones localizadas en el área de distribución geográfica originaria e invadida de *Z. indianus* para diferentes caracteres fenotípicos. Para esto se contrastaron los valores fenotípicos medios y la plasticidad fenotípica de caracteres de historia de vida y morfológicos entre poblaciones de África (área de distribución originaria) y de Sudamérica (área de distribución invadida o expandida) cuantificados en diferentes recursos de cría. La hipótesis principal es que las poblaciones invasoras de *Z. indianus* presentan niveles de plasticidad fenotípica mayores y diferentes para los caracteres estudiados, como también indicios de adaptación local; y que ambos mecanismos contribuyeron a la invasividad de la especie en la zona más austral de su área de distribución invadida en Sudamérica. **Materiales y Métodos:** Líneas utilizadas: se utilizaron líneas de laboratorio conformadas por varias hembras fertilizadas en la naturaleza (“pooles”) provenientes del área de distribución originaria en el continente africano, poblaciones de Yokaduma (Camerún) y Lujeri (Malawi); y del área de distribución invadida o expandida en el continente americano, poblaciones de Yuto (Provincia de Jujuy, Argentina) y Montecarlo (Provincia de Misiones, Argentina). Caracteres fenotípicos cuantificados: Para todas las poblaciones se cuantificaron dos caracteres de historia de vida (viabilidad y tiempo de desarrollo) y cinco caracteres morfológicos (largo total del ala izquierda, ancho del ala derecha, largo del tórax, ancho de la cabeza y distancia interocular) criando las moscas en siete medios semi-naturales de frutos diferentes (Mango, Caqui, Pera, Guayaba, Papaya, Durazno y Naranja). Análisis estadísticos y procesos biológicos estimados: Mediante Modelos Lineales Generalizados se analizó la distribución de la variación fenotípica de todos los caracteres entre las poblaciones de diferentes orígenes teniendo en cuenta el sexo y el tratamiento con los diferentes frutos. También se comparó, entre las poblaciones de diferentes orígenes, la magnitud y la composición de la plasticidad fenotípica para diferentes frutos de cría en todos los caracteres mediante comparaciones de coeficiente de variación, de la varianza fenotípica, y a través de análisis de *ranking de performance* (pruebas de Mann-Whitney-Wilcoxon). **Materiales y Métodos:** Los resultados muestran que todas las poblaciones presentan plasticidad fenotípica frente a diferentes recursos de cría a nivel poblacional para todos los caracteres de historia de vida y morfológicos analizados (Factor *Fruto* significativo, $p < 0,005$; interacción *Origen x Fruto* significativa, $p < 0,005$, alfa global ajustado según Bonferroni). En términos comparativos entre poblaciones americanas y africanas, Yuto (población del área invadida) presentó un mayor coeficiente de variación y una mayor varianza fenotípica en la respuesta a los diferentes frutos de cría como también diferencias significativas en el *ranking de performance* ($p < 0,017$, alfa global ajustado según Bonferroni), con la excepción del carácter viabilidad. Es decir, existe una diferencia en cuanto a la magnitud y la composición de la plasticidad fenotípica poblacional entre el área de distribución originaria e invadida, aunque no sería un fenómeno generalizado. También se encontraron diferencias en los valores medios de los caracteres, ya que las poblaciones americanas presentaron mayor tiempo de desarrollo y tamaño corporal. Estos últimos resultados son congruentes con los postulados de la Teoría de Caracteres de Historia de Vida en cuanto a posibles evidencias de evolución adaptativa local asociada al proceso de invasión, a ser corroboradas por otros tipos de evidencias. **Conclusiones:** Los patrones encontrados definen un escenario complejo en cuanto a los factores que explican la invasividad de *Z. indianus* en su extensión de área de distribución hacia Sudamérica. Por un lado, parece haber un rol de la plasticidad fenotípica debida al recurso de cría; y por otro lado, se han encontrado indicios preliminares de que pudieron

operar procesos adaptativos. Entonces, estos resultados plantean una invasión donde serían relevantes diferentes mecanismos que moldean la variación, como son la selección natural y la plasticidad fenotípica.

DISEÑO DE MARCADORES MICROSATÉLITES PARA USO EN FILOGEOGRAFÍA DE ESPECIES DE LA FAMILIA AEGLIDAE (DECAPODA, ANOMURA)

G Loretán^{1,2}, JM Cabrera², EC Rueda¹, PA Collins², F Giri²

¹Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, UNL, CONICET, Santa Fe, Argentina. ²Instituto Nacional de Limnología (CONICET-UNL), Santa Fe, Argentina. gisela.loretan@conicet.gov.ar

Introducción: La filogeografía es el campo de estudio relacionado con los principios y procesos que gobiernan la distribución geográfica de linajes de genes, sobre todo aquellos entre y dentro de especies cercanamente relacionadas. Trata de interpretar la extensión y el modo en que los procesos demográficos históricos han dejado marcas evolutivas en la distribución geográfica actual de los caracteres genéticos, utilizando marcadores moleculares. Suelen utilizarse marcadores mitocondriales, ya que tienen características ventajosas como su alta tasa de evolución (sustitución) a nivel de secuencias de nucleótidos, su prácticamente nula recombinación, gran variación intraespecífica, entre otras. Sin embargo, el uso de ADNmt representa problemas que hay que tomar en cuenta: dado que implica un único locus, tiene limitaciones en cuanto a la reconstrucción de historias poblacionales, sobre todo si ese locus ha estado sujeto a selección o algún otro proceso, o si el ADNmt pasó recientemente de una especie a otra por hibridización. Por este motivo, se considera necesario el uso de marcadores complementarios, que puedan representar el genoma de núcleo. El objetivo del trabajo, fue diseñar marcadores microsatélites, que son marcadores nucleares, codominantes, multilocus y tienen alta tasa de evolución (importante para utilizar en análisis intraespecíficos). El diseño de marcadores microsatélites toma gran importancia cuando se trabaja con especies no modelo, en este caso de la familia Aeglidae. Estos crustáceos anomuros dulceacuícolas se distribuyen al sur de América del Sur y constan de más de 70 especies, las cuales, en general, tienen áreas de distribución restringidas, por lo que es muy interesante estudiar su diversificación y evolución.

Materiales y Métodos: la búsqueda de microsatélites se realizó sobre la secuenciación parcial del genoma de *A. uruguayana*, con el programa FullSSR. Se identificaron un total de 18 microsatélites, de los cuales 12 fueron aptos para el diseño de *primers* y su amplificación. Se extrajo ADN genómico de diez ejemplares por cada una de las cinco especies de la familia Aeglidae: *A. uruguayana*, *A. singularis*, *A. neuquensis*, *A. scamosa* y *A. affinis*. Estas muestras se amplificaron con cinco marcadores microsatélites (Au 9, Au 10, Au 12, Au 21 y Au 24) mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los fragmentos obtenidos se corrieron en geles de poliacrilamida al 10% y se obtuvieron los genotipos de los individuos analizados.

Resultados y Discusión: se obtuvo el genotipo de los cincuenta ejemplares del género *Aegla* amplificados con los cinco microsatélites utilizados. Los loci resultaron polimórficos y las bandas resultantes tienen tamaños que varían entre 140 y 280 pares de bases.

Conclusiones: los microsatélites diseñados son polimórficos, por lo que serán útiles en estudios filogeográficos en nuevos estudios de la familia Aeglidae, siendo un complemento de la información que nos proveen los marcadores mitocondriales.

Agradecimientos: PICT 2014-3502: "Evidencias de evolución en especies de ambientes continentales de América del sur. La familia Aeglidae (Decapoda-Anomura) como modelo de estudio." Director: Dr. Federico Giri.

ABUNDANCIA DE INVERTEBRADOS HERBÍVOROS DE SISTEMAS ACUÁTICOS: SU RELACIÓN CON LA CALIDAD Y CANTIDAD DEL RECURSO EN EL CONTEXTO DE LA FILOGENIA DE LAS PLANTAS HOSPEDADORAS

FS Martínez¹, M Videla², MC Franceschini¹, A Bernardis³

¹Centro de Ecología Aplicada del Litoral- CECOAL (CCT Nordeste - CONICET- UNNE) Ruta 5, km 2.5, (3400) Corrientes, Argentina. ²Instituto Multidisciplinario de Biología vegetal (IMBIV [CCT- CONICET - Córdoba] Centro Científico Tecnológico Conicet, Córdoba. ³Departamento Física y Química. Facultad de Ciencias Agrarias - Universidad Nacional del Nordeste. e-mail: fedrasolange@yahoo.com.ar

La interacción herbívoro-planta es considerada como una importante impulsora de la evolución de las plantas y las especies de herbívoros. En este trabajo se propuso analizar la relación entre la abundancia de los invertebrados herbívoros de ambientes acuáticos con las variables de calidad (nutrientes y compuestos secundarios) y de cantidad del recurso (área y biomasa foliar, área foliar específica) de las plantas hospedadoras en el contexto de la filogenia. Los muestreos se llevaron a cabo en lagunas de la provincia de Corrientes y Chaco entre diciembre y marzo de 2012. Las especies de plantas acuáticas seleccionadas para este estudio fueron: *Eichhornia crassipes*, *Salvinia biloba* (flotante libre), *Hydrocleys nymphoides* (arraigada de hojas flotantes), *Thalia multiflora* (emergente) y *Potamogeton illinoensis* (sumergida). Para determinar la abundancia total de herbívoros se tomaron muestras de invertebrados con tres replicaciones en cada una de las cinco especies de plantas acuáticas (N=15). Para determinar las variables asociadas a la calidad del recurso (nitrógeno, fósforo, lignina taninos, celulosa y FDN) y cantidad del recurso (área foliar, biomasa foliar y área foliar específica) se tomaron muestras de hojas en paralelo a los muestreos de abundancia de herbívoros. Las relaciones filogenéticas de las plantas se establecieron usando las secuencias nucleotídicas del gen plastidial *rbcL* (Ribulosa 1,5 Bifosfato Carboxilasa-Oxigenasa) obtenidas del GenBank y alineadas en el programa MEGA 5.1. La señal filogenética se evaluó utilizando los estadísticos K de Blomberg y lambda (λ) de Pagel. La relación entre la abundancia de los invertebrados herbívoros y las variables cantidad y calidad del recurso se evaluó mediante regresiones, utilizando el método PGLS (Phylogenetic Generalized Least-Squares). Los valores de abundancia total de invertebrados herbívoros fueron significativamente mayores en *T. multiflora* (ANOVA, $P < 0,05$) con valores de abundancia de herbívoros que fueron hasta dos veces más altos que el resto de las especies. Las relaciones de parentesco en las plantas estudiadas, no evidenciaron una señal filogenética significativa en los caracteres de calidad y cantidad del recurso analizados de acuerdo al K de Blomberg y lambda (λ) de Pagel. Los resultados de las regresiones indicaron que las variables que mejor explicaron la variabilidad de la abundancia de los invertebrados herbívoros en las plantas analizadas fueron la biomasa foliar (PGLS $P < 0,0001$), el área foliar (PGLS $P < 0,0001$) y la celulosa (PGLS $P = 0,07$) que registraron una relación directa con la abundancia de los invertebrados herbívoros. El contenido de tanino, en cambio mostró una relación inversa con la abundancia (PGLS $P = 0,03$). Los resultados presentados en este trabajo contribuyen a ampliar el conocimiento de las variables de cantidad y calidad del recurso de las plantas acuáticas y sus implicancias como recurso alimentario para los herbívoros, especialmente en *P. illinoensis* e *H. nymphoides*, donde no se ha registrado información previa sobre este aspecto. Desde otra perspectiva, los resultados obtenidos constituyen un aporte innovador para los estudios de ecosistemas acuáticos, puesto que la relación de la filogenia con las variables de calidad y cantidad de recurso de determinando la abundancia de los ensambles de herbívoros sólo fue abordada previamente en ecosistemas terrestres.

PERSISTENCIA LOCAL DE *Nothofagus* ss EN MICROREFUGIOS EN BASE A REGISTROS POLÍNICOS, HERRAMIENTAS SIG Y MARCADORES GENÉTICOS

P Mathiasen, AC Premoli

Laboratorio Ecotono, Universidad Nacional del Comahue, INIBIOMA-CONICET. pmathiasen@gmail.com

Las oscilaciones climáticas ocurridas desde el Pleistoceno han tenido un gran impacto sobre los patrones de variación geográficos y genéticos de muchas especies de plantas. En base a estudios de la variación genética se han postulado diferentes hipótesis respecto a la supervivencia de los organismos durante los períodos glaciarios. Estudios realizados previamente con marcadores nucleares isoenzimáticos de herencia biparental muestran áreas de alta diversidad genética ubicadas en distintos puntos de Patagonia. Por otro lado marcadores genéticos conservados de herencia uniparental como el ADN del cloroplasto (ADNc) muestran una alta asociación geográfica de los distintos haplotipos con la historia geológica de Patagonia. Los microrefugios son sitios que soportan poblaciones de especies cuando sus rangos de distribución se contraen durante períodos climáticos desfavorables. Las especies tolerantes al frío que habitan zonas templadas, como especies del subgénero *Nothofagus*, se espera que hayan sobrevivido en áreas cercanas al límite del hielo. El objetivo de este estudio es identificar áreas de microrefugios en Patagonia utilizando registros de polen en combinación con marcadores genéticos (isoenzimas y secuencias de ADNc de *Nothofagus*, para determinar la persistencia local en pequeñas poblaciones. Analizamos un total de 54 registros polínicos entre los 39° y 43° S existentes en la base de datos de polen Latinoamericana (LAPD) y en artículos publicados. Se registró el porcentaje de polen de *Nothofagus* tipo-*dombeyi* en cada sitio presente a intervalos cada 1.000 años desde el último máximo glacial (UMG, ~25 Ka cal. AP) hasta el presente. Se consideró presencia local de *Nothofagus* aún cuando se registraban trazas (porcentaje de polen >0.1%), ya que podría estar indicando la presencia de un grupo reducido de árboles. Las áreas potenciales de refugio se identificaron utilizando dos criterios: el *estricto* consistió de los sitios de más de 17 Ka AP con presencia de polen de *Nothofagus* >10%; y el *relajado* de sitios de más de 10Ka AP con presencia de polen >30%. Se identificaron 7 y 11 áreas potenciales de refugios bajo los criterios estricto y relajado, respectivamente. Ambos criterios identificaron las mismas áreas distribuidas uniformemente sobre el borde del límite del hielo a ambos lados de la cordillera de los Andes entre los 39 y 43° S. Alrededor de cada sitio se determinó un área de refugio de aproximadamente 40 km (0.4 grados) de radio con el programa QGIS, y las poblaciones dentro de cada área fueron asignadas a distintos refugios. Los datos genéticos consistieron en estudios publicados previamente de poblaciones de las cinco especies del subgénero *Nothofagus* analizadas con marcadores isoenzimáticos (N=42) y de ADNc (N=75). Para identificar los distintos grupos genéticos se realizaron análisis espaciales utilizando el programa Geneland. Además, se realizaron análisis de agrupamiento en base a las frecuencias alélicas isoenzimáticas y a los polimorfismos de ADNc utilizando como variable discriminante los refugios de polen identificados *a priori* bajo los criterios estricto y relajado. Los resultados indican moderada a abundante presencia de *Nothofagus* cercana al límite del hielo a distintas latitudes de Patagonia durante el período Tardiglacial (~17Ka cal. AP). Dichas áreas además coinciden con los grupos genéticos y/o sitios de alta diversidad genética detectados para las distintas especies de *Nothofagus*. Estos resultados apoyarían la hipótesis de persistencia *in situ* en microrefugios, probablemente en sitios donde las condiciones climáticas eran propicias para la supervivencia local.

VARIACIÓN GENÉTICA EN LA ESPECIE AMENAZADA ENDÉMICA DE CHILE *Nothofagus macrocarpa*P Mathiasen¹, A Venegas-González², P Fresia³, AC Premoli¹¹Laboratorio Ecotono, Universidad Nacional del Comahue, INIBIOMA-CONICET, Bariloche, Argentina.²Universidad de Chile, Santiago, Chile. ³Instituto Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay.pmathiasen@gmail.com

Los bosques deciduos mediterráneos de la zona central de Chile han sufrido una gran presión antrópica durante el último siglo, principalmente debido a la expansión urbana y agrícola. Estos bosques son considerados como “hotspots de biodiversidad” por la gran cantidad de endemismos que albergan. *Nothofagus macrocarpa*, roble de Santiago o roble blanco, es una especie endémica de los bosques de Chile central, los cuales han sufrido las principales amenazas con una tasa de pérdida de bosque de 1,7% anual. Algunos autores consideran a esta especie como una variedad de *Nothofagus obliqua*. Actualmente existen muy pocas poblaciones remanentes de *N. macrocarpa* que a su vez se encuentran en sitios bajo alta presión antrópica. Por lo tanto, la especie es considerada amenazada y ha sido clasificada como *Vulnerable* por la UICN. Hasta el momento no existe información disponible sobre la variabilidad genética de dichas poblaciones ni del estado de conservación de las mismas. El objetivo de este trabajo fue estudiar la diversidad genética de las poblaciones remanentes de esta especie mediante el uso de marcadores moleculares para evaluar el estado de conservación de las mismas y establecer pautas para su manejo y conservación. Se recolectaron muestras de hojas frescas de las cinco poblaciones remanentes distribuidas en Chile central desde la Cordillera de la Costa y Valle Longitudinal hasta la Cordillera de los Andes. Se pusieron a punto las técnicas de extracción, amplificación por PCR, y secuenciación de ADN para la especie. Se analizaron dos individuos por población con tres marcadores de regiones no codificantes de ADN: la región nuclear ITS, y los espaciadores intergénicos del ADN del cloroplasto (ADNc) trnH-psbA y trnL-trnF. Las secuencias de ADN obtenidas fueron alineadas y comparadas con otras especies hermanas de *Nothofagus* (*N. obliqua*, *N. nervosa*, *N. glauca* del subgénero *Lophozonia*) para establecer las relaciones filogenéticas. El árbol filogenético se obtuvo usando como grupo externo secuencias de especies pertenecientes a los subgéneros *Fuscospora* y *Nothofagus*. Los resultados de las secuencias ITS muestran que las cinco poblaciones poseen el mismo ribotipo, por lo cual se confirma que forman un grupo monofilético y que resultó cercanamente emparentado a la especie hermana *N. obliqua*, indicando que *N. macrocarpa* puede ser considerada como una entidad taxonómica diferente y no como una variedad de esta última especie. Por otro lado, con el ADNc se encontraron cinco haplotipos diferentes estructurados geográficamente. Las poblaciones del norte presentan los haplotipos H3 y H5, mientras que las poblaciones del centro-sur poseen los haplotipos H1-H2 y H4, respectivamente. Los haplotipos H1 y H2 están más relacionados entre sí, y a su vez con el H4 que con los haplotipos H3 y H5. Por otro lado, estudios dendrocronológicos previos (Venegas-González et al. Datos no publicados) muestran que existen diferencias en los patrones de crecimiento radial y respuesta climática de los árboles de poblaciones del norte y del centro-sur, permitiendo observar la formación de tres grupos principalmente (i) H3-H4-H2, (ii) H1 y (iii) H4. Estos resultados indican que las diferencias en el crecimiento son parcialmente concordantes con el agrupamiento arrojado por el ADNc. Las diferentes variantes genéticas encontradas en las poblaciones estudiadas podrían estar delimitando unidades evolutivamente significativas (ESUs). Las ESUs son grupos monofiléticos distintos que han acumulado diferencias genéticas a lo largo del tiempo evolutivo. Por lo tanto, esta información debe ser tomada en cuenta al momento de elegir individuos (semillas y/o propágulas) para ser utilizadas con fines de restauración, ya que no deberían mezclarse individuos provenientes de acervos genéticos diferentes.

EVOLUCIÓN MORFOLÓGICA DEL GENERO *PTYCHOMYA* A TRAVÉS DEL CRETÁCICO TEMPRANO DE ARGENTINA

PS Milla Carmona¹, DG Lazo¹, IM Soto²

¹Laboratorio de Ecosistemas Marinos Fósiles, Instituto de Estudios Andinos Don Pablo Groeber (UBA-CONICET), Departamento de Ciencias Geológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. 2. Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires

Introducción: *Ptychomya* es un género de bivalvos marinos fósiles restringido estratigráficamente al Cretácico Inferior y con una distribución global. Sus valvas poseen una morfología externa característica y llamativa, presentando contorno ovalado, posteriormente elongado y ornamentación divaricada formada por la convergencia de varias series de costillas. En Argentina, el género está representado por cuatro especies: *P. koeneni*, *P. esbelta*, *P. windhausenii* y *P. coihuicoensis*, las cuales se registran en los depósitos marinos de la Formación Agrio (Cuenca Neuquina), la cual posee una edad Valanginiana tardía a Barremiana basal. El objetivo de este trabajo es el estudio de los diferentes patrones evolutivos que estas cuatro especies de *Ptychomya* presentan durante el intervalo de aproximadamente 6 millones de años en que se las registra. Concretamente, se estudió la evolución anagenética de la geometría de la conchilla, un carácter prominente que presenta gran variación. El patrón de evolución morfológico que *Ptychomya* exhibe a través de los niveles estratigráficos de la unidad es complejo, ya que es el resultado de la interacción entre las diferentes morfologías, variabilidades, patrones evolutivos y distribuciones estratigráficas de las especies que lo representan.

Materiales y Métodos: la geometría de la conchilla de 137 ejemplares de *Ptychomya* fue cuantificada a través del análisis de elípticos de Fourier. Para enmarcar a la evolución de las especies a lo largo de un eje temporal se utilizó una detallada biozonación de ammonoideos y dataciones absolutas. Los patrones de evolución anagenéticos de cada especie y del género fueron determinados usando análisis de series temporales paleontológicos.

Resultados y Discusión: la geometría de la conchilla de *Ptychomya* presenta un patrón de evolución al azar, mostrando variaciones significativas en su geometría promedio, pero sin una clara dirección. Cuando las especies individuales son analizadas, sin embargo, tres de las cuatro especies que componen el género (*P. koeneni*, *P. esbelta* y *P. coihuicoensis*) aparecen en estasis morfológica durante todo el intervalo analizado. Solamente una especie, *P. windhausenii*, presenta evolución direccional durante su registro estratigráfico, mostrando una tendencia hacia conchillas cada vez más altas. El género presenta conchillas en promedio más elongadas y una mayor disparidad para este carácter durante la primera parte de su historia evolutiva (Valanginiano superior – Hauteriviano inferior). Sin embargo, durante el tramo final de su distribución estratigráfica (Hauteriviano superior – Barremiano basal) se produce una tendencia hacia conchillas cada vez más altas proporcionalmente, producidas por la combinación de la extinción de formas elongadas (*P. esbelta* y *P. koeneni*), la aparición de especies relativamente más altas (*P. coihuicoensis* y *P. windhausenii*) y la tendencia anagenética exhibida por *P. windhausenii*. A pesar de que en este tramo final el número de especies presentes es el mismo, los niveles de disparidad son notablemente inferiores. Estos resultados son consistentes con observaciones de recopilaciones recientes, que reconocen una alta frecuencia de estasis y una baja frecuencia de patrones direccionales, aunque la alta incidencia de patrones de evolución aleatorios (caminatas al azar) no se recupera en nuestros resultados.

Conclusiones: la evolución de la geometría de la conchilla de *Ptychomya* se produce a través de una exploración desigual del morfoespacio en el que el cambio morfológico asociado a procesos de extinción y especiación tiene mayor peso que la acumulación direccional de cambios ocurridos durante la historia posterior de las especies que lo conforman.

Agradecimientos: esta es una contribución del Instituto de Estudios Andinos Don Pablo Groeber (IDEAN, CONICET-UBA).

BASES GENÉTICAS DEL TAMAÑO CORPORAL EN *Drosophila melanogaster*: ESTUDIO POBLACIONAL DE LA PLASTICIDAD FENOTÍPICA DEBIDA A LA TEMPERATURA

VE Ortiz, JJ Fanara, VP Carreira

Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. IEGEBA-CONICET, FCEN, UBA. victoria.e.ortiz@hotmail.com

Introducción: Entre los caracteres adaptativos que presentan mayor cantidad de correlaciones con otros caracteres asociados al fitness, el tamaño corporal (TC) es, posiblemente, el que ha despertado mayor atención entre los biólogos evolutivos. La variabilidad fenotípica de este carácter depende de factores genéticos y ambientales, y por lo tanto estudiar las bases genéticas subyacentes a la variación del TC y los efectos contexto-dependientes es necesario para analizar procesos y patrones adaptativos.

El objetivo general de este trabajo es el estudio de la plasticidad fenotípica y la interacción genotipo-ambiente para el TC en distintas poblaciones naturales de *Drosophila melanogaster*. En este sentido estamos interesados en determinar si poblaciones que enfrentan distintos escenarios ecológicos y las líneas derivadas de esas poblaciones, difieren en el TC cuando los individuos se crían a distintas temperaturas.

Materiales y Métodos: Líneas: se utilizaron grupos de líneas de *Drosophila melanogaster* pertenecientes a 3 poblaciones: de las cuales dos pertenecen a la Provincia de Mendoza: Lavalle (ubicada a 580 m.s.n.m.) y Uspallata (a 1915 m.s.n.m) separadas por 60 km, y la otra colectada en Carolina del Norte (a 380 m.s.n.m.), Estados Unidos. Todas las líneas son homocigotas para todos sus loci debido a que fueron generadas mediante un protocolo de cruzamientos entre hermanos durante 20 generaciones. Las moscas de cada línea fueron criadas a 17°C y a 25°C a densidad larvaria constante a fin de cuantificar dentro y entre poblaciones: la variabilidad genética, la plasticidad fenotípica por efecto de la temperatura y la variabilidad genética para la plasticidad fenotípica (interacción genotipo- ambiente). **Caracteres:** la estimación del TC se hizo midiendo el largo del ala (LA), la distancia interocular (DI) y el largo del tórax (LT) en 20 individuos por sexo, línea y temperatura para cada población. **Análisis estadísticos:** la varianza fenotípica total fue analizada mediante un modelo mixto con los factores población (fijo), temperatura (fijo) y línea (aleatorio, anidado en población). Los análisis se realizaron por sexos separados, debido al importante dimorfismo sexual extensamente reportado para este tipo de caracteres.

Resultados y Discusión: En general, se observó plasticidad fenotípica (tamaños más grandes en moscas criadas a 17°C) y diferencias entre poblaciones, siendo los valores medios correspondientes a Lavalle y Carolina del Norte más parecidos entre sí que cada uno de ellos con respecto a los de Uspallata. En todas las poblaciones detectamos que la varianza aportada por las líneas y la interacción línea-temperatura fue significativa, lo que indica que las poblaciones presentan variabilidad genética e interacción genotipo ambiente.

Conclusiones: Las diferencias que exhiben los caracteres del TC entre las poblaciones estudiadas podrían atribuirse a factores adaptativos vinculados con la altitud. La variabilidad genética contexto-dependiente detectada en todas las poblaciones contribuiría a mantener la variabilidad genética del TC.

FILOGEOGRAFÍA COMPARADA DE ESPECIES DEL NOA EVIDENCIA BARRERAS CONCORDANTES AL FLUJO GÉNICO

MP Quiroga¹, LV Castello¹, V Quipildor², AC Premoli¹

Labortorio Ecotono UNComahue-INIBIOMA-CONICET. Laboratorio de Investigaciones Botánicas (LABIBO), CONICET, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta. emepequ@gmail.com

La distribución geográfica de las especies es dinámica en el tiempo. La filogeografía comparativa investiga la asociación entre los procesos poblacionales y los patrones regionales de la biodiversidad y la biogeografía. Los patrones filogeográficos concordantes en el paisaje de linajes independientes evidencian una historia evolutiva compartida, los cuales pueden reflejarse en disyunciones genéticas comunes. Por lo tanto los análisis filogeográficos comparativos proveen un contexto evolutivo y geográfico para especies comprendidas dentro de comunidades, identificando influencias históricas y espaciales en patrones de riqueza a distintas escalas jerárquicas, de genes a especies. Esto permite entender respuestas a cambios históricos en el paisaje e identificar unidades evolutivas significativas (siglas en inglés ESUs) para definir estrategias de conservación. Si la distribución espacial resulta concordante para distintos phyla, se podrían definir ESUs para comunidades, lo que implica un área de evolución conjunta para un bioma completo.

Realizamos una recopilación bibliográfica con datos propios y de trabajos moleculares (filogeográficos, filogenéticos y poblacionales) de distintas de especies y phyla distribuidos entre los 20°-28° S y 64°-70° O en el noroeste de Argentina y norte de Chile, con el objetivo de identificar patrones concordantes filogeográficos. Incluimos información de distribución de polimorfismos de 12 taxa (animales: Didelphidae, Hylidae, Thraupidae; plantas: Podocarpaceae, Cactaceae, Ciperaceae, Plantaginacea, Rosaceae, Bromeliaceae, Poaceae). De cada trabajo, se obtuvieron la distribución espacial de haplotipos, o bien de grupos de poblaciones si fueron análisis de microsatélites, AFLPs o isoenzimas. Buscamos patrones de divergencia y variación de diversidad entre poblaciones. Identificamos regiones geográficas determinadas por la similitud y divergencia entre poblaciones en base a las variantes haplotídicas o alelos. Mapeamos los diferentes grupos génicos para cada especie en Qgis y obtuvimos un patrón de asociaciones geográficas de divergencias genéticas para todas las especies. Para especies que contaban con datación molecular se registró el tiempo de divergencia entre sectores.

Se encontró un patrón de disyunción similar en todos los linajes analizados, donde se distingue una diferenciación genética que fluctúa para cada taxón, pero que varía entre los 26° y 27°20' para todas las especies. Los patrones de variación de diversidad genética son congruentes para siete especies mostrando una mayor diversidad al sur de la distribución, mientras que para dos especies son opuestos, siendo las más diversas las poblaciones al norte de la distribución.

Para los taxones que se estimó la divergencia, ésta varía entre el límite Plioceno-Mioceno para *Mottea Chilensis*, cuatro especies durante el Pleistoceno (*Thylamis pallidior*, *Hypsiboas andinus*, complejo *Nolana*, *Munroa argentina*) y una durante el Holoceno (*Echinopsis terscheckii*).

Para cuatro especies se identificó una zona de contacto donde ocurren variantes genéticas tanto del sector Norte y el Sur o propias de esta área. Para las demás especies se identificaron variantes genéticas exclusivas de cada sector. La región comprendida entre los 26° y 27°20' es una zona de restricción al flujo génico para diversos taxones, lo que implica que los sectores a ambos lados de esta barrera poseen una historia evolutiva compartida. Postulamos que esta barrera efectiva para diversos grupos filogenéticos podría ser causada por múltiples eventos geológicos y climáticos, que afectaron y afectan el flujo génico entre poblaciones a ambos lados, facilitando la divergencia y promoviendo la evolución independiente de los linajes. Por lo tanto ambas regiones son igualmente relevantes a los fines de conservación.

PRESENCIA DE LEÑOS AFINES A *Conocarpus*, *Terminalia* Y *Buchenavia* (COMBRETACEAE) EN EL PLEISTOCENO TARDÍO DEL NORESTE ARGENTINO

RS Ramos¹, M Brea¹, D Kröhling².

¹Centro de Investigaciones Científicas y Transferencia de Tecnología a la Producción (CICYTTP-CONICET), Dr. Materi y España SN, E3105BWA Diamante, Entre Ríos, Argentina. ²Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas, Universidad Nacional del Litoral, CC 217, 3000 Santa Fe, Argentina y CONICET- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. laresole@hotmail.com

El presente trabajo se enmarca en uno más abarcativo que analiza la evolución de las floras desde el Pleistoceno tardío hasta el Holoceno en el Noreste Argentino. A partir de la identificación taxonómica de leños fósiles recuperados en la Formación El Palmar se intenta inferir las paleocomunidades en base a la fitogeografía de sus análogos modernos y al análisis eco-anatómico de su xilema secundario. La Formación El Palmar es una unidad geológica del Cuaternario tardío (80.670 ± 13.420 años BP; 184.491 ± 13.946 años BP), está integrada por arenas de cauce que incluyen grandes lentes de gravas y cantos rodados; el sistema incluye, depósitos en facies arenosas de inundación y de albardón, configurando un complejo fluvial de llanura. Este depósito aflora en la margen derecha del río Uruguay en las provincias de Corrientes y Entre Ríos, hasta Concepción del Uruguay, donde constituye en dicha región la terraza alta de la cuenca. En esta unidad, la familia Combretaceae está representada por *Terminalioxylon lajaum* Ramos, Brea y Kröhling, *Terminalioxylon concordiensis* Brea y Zucol y tres nuevos taxa hallados recientemente. Uno de ellos es afín a la especie actual *Terminalia virens* (Spruce ex Eichler) Alwan y Stace, otro tiene afinidad a *Conocarpus* L. y el tercero vinculado al género *Buchenavia* Eichler. Características como placa de perforación simple, elemento de vasos cortos, densidad y diámetro de vasos superior a $50 \mu\text{m}$ del xilema secundario de los fósiles, sugieren una estructura estrictamente mesomórfica con alta vulnerabilidad a procesos de apoplejía u obstrucciones de vasos. La presencia de *Conocarpus* y *Terminalia* afín a *T. virens* avalan una antigua relación con la flora africana e imponen supuestos a las posibles formas de dispersión desde y/o hacia América del Sur. En efecto, estas especies estarían confirmando un paleoambiente más cálido y húmedo para el Pleistoceno tardío en el sector medio-inferior del río Uruguay, donde la eficiencia de la conductividad hídrica por parte de las plantas fue la condición predominante. Detectar los requerimientos y preferencias ecológicas de las especies actuales serán pilares fundamentales para entender la dinámica o evolución de los ecosistemas pasados. En particular, entender porque especies de *Conocarpus* y afines a *T. virens* no se distribuyen actualmente en el área de estudio.

DEL FENOTIPO AL GENOTIPO: ANÁLISIS GENÓMICOS DE ASOCIACIÓN DEL COMPORTAMIENTO OLFATIVO DE *Drosophila melanogaster* FRENTE A ESTÍMULOS NATURALES

IG Satorre^{1,2}, NJ Lavagnino^{1,2}, JJ Fanara^{1,2}

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Argentina. ²IEGEB-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. ignaciosatorre@hotmail.com

Introducción: La percepción de señales químicas provenientes del ambiente mediante el sistema olfativo permite a los organismos desencadenar distintos tipos de comportamientos en respuesta a estos estímulos; como por ejemplo la búsqueda de fuentes de alimento, o pareja/s con quien aparearse; así como también, detectar presencia de compuestos tóxicos o competidores. En cualquier caso, la forma en que se comporte el individuo será fundamental para su supervivencia y su capacidad de dejar descendencia. Es aquí en donde el comportamiento olfativo (CO) pasa a ser un carácter de gran importancia a nivel adaptativo. En poblaciones naturales es muy común encontrar una gran variación fenotípica del CO, determinada tanto por factores genéticos como ambientales. Por eso, lograr entender como la variación genética y ambiental modula la variación del CO, resulta de especial interés para comprender la evolución de este carácter en poblaciones naturales. El objetivo de este trabajo fue estudiar los factores subyacentes a la variación natural del CO en moscas adultas de *Drosophila melanogaster* contribuyendo de este modo a comprender y caracterizar la interfase genotipo-fenotipo de este carácter adaptativo.

Materiales y Métodos: Líneas utilizadas: se utilizaron 48 líneas completamente homocigotas para todos los loci que pertenecen al Panel de Referencia Genética de *Drosophila melanogaster* (PRGD), cuyos genomas se encuentran totalmente secuenciados y por lo tanto se cuenta con la información de los polimorfismos génicos (SNPs y pequeñas Inserciones-Delecciones). Ensayos comportamentales: se realizaron dos tipos de ensayos: de Respuesta y de Elección olfativa a los recursos naturales manzana y uva, utilizando la técnica de "Y Maze". En ambos tipos de ensayos se colocaron 20 individuos separados por sexo en la base del "Y Maze", luego de 4 minutos se contabiliza la cantidad de moscas en cada brazo del mismo. En los ensayos de respuesta se coloca agua destilada (control) en un brazo y el estímulo a medir en el otro; mientras que en los ensayos de elección se evaluaron ambos estímulos frutales simultáneamente. Luego, se calcularon los índices de respuesta [(IR) = $(n_{\text{estímulo}} - n_{\text{H}_2\text{O}}) / n_{\text{total}}$], y de elección [(IE) = $(n_{\text{estímulo1}} - n_{\text{estímulo2}}) / (n_{\text{estímulo1}} + n_{\text{estímulo2}})$] como estimadores de la variabilidad del fenotípica CO. Estudio de asociación genotipo-fenotipo: Se realizó un análisis de asociación entre la variabilidad genética que exhiben las líneas analizadas con cada uno (respuesta y elección) de los estimadores de la variabilidad fenotípica del CO. También se realizó un análisis de genómica estructural, en donde se identificaron los genes candidatos y la ubicación de los SNPs e InDels dentro de los mismos. Para ello se utilizó la plataforma informática del sitio DGRP: <http://dgrp2.qnets.ncsu.edu/>.

Resultados y Discusión: Los resultados del análisis de los ensayos de Respuesta sugieren que existe variación genética, que el carácter presenta plasticidad fenotípica y exhibe dimorfismo sexual como consecuencia de que los factores Línea, Tratamiento y Sexo, respectivamente, fueron significativos ($p < 0,05$). Por otra parte, las interacciones también resultaron ser significativas, indicando que para este carácter la variación genética es sensible al sexo (Línea x Sexo, $p < 0,05$) y al ambiente al que son expuestas las moscas (Línea x Tratamiento, $p < 0,05$). En el caso de los ensayos de Elección el análisis reveló que hay variación genética (factor Línea significativo, $p < 0,05$), aunque esta variación no sería sexo-dependiente (factor Sexo no significativo, $p > 0,05$). Los análisis de asociación genotipo-fenotipo muestran que existen 298 sitios polimórficos asociados a la variación fenotípica para la Respuesta olfativa en hembras, los cuales están asociados a 108 genes que contribuyen a la variación fenotípica sensible al fruto manzana y 19 genes para el fruto uva. Para los machos, se encontraron 65 sitios polimórficos asociados a 17 genes, 3 al fruto manzana y 14 al fruto uva. Por último, en los ensayos de Elección se encontraron 54 polimorfismos, los cuales se encuentran asociados a 22 genes. No se observaron genes candidatos pleiotrópicos entre sexos y frutos para la respuesta a los estímulos utilizados, como tampoco se detectaron genes pleiotrópicos entre los diferentes estimadores (Respuesta y Elección) del CO. **Conclusiones:** El carácter CO presenta variabilidad genética natural tanto para la respuesta como para la elección olfativa en la población estudiada. La existencia de interacción genotipo x ambiente podría mantener la variación poblacional del mismo. La ausencia de genes pleiotrópicos entre la respuesta y la elección de recursos alimenticios y de oviposición localizados en poblaciones naturales indicaría que, al menos en este nivel de organización, las arquitecturas genéticas de ambos estimadores serían independientes, sugiriendo que respuesta y elección serían caracteres independientes del CO en *D. melanogaster*.

CUANDO EL ADN NOS CUENTA DIFERENTES HISTORIAS: PROCESOS HISTÓRICOS Y CONTEMPORÁNEOS MOLDEAN LA DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DEL "zapatito de Darwin" EN LA PATAGONIA AUSTRAL

AN Sérsic¹, A Cosacov¹, MC Baranzelli¹, MR Iglesias¹, L Johnson²

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV, CONICET-UNC). ²Department of Biology, Brigham Young University, USA. asersic@imbiv.unc.edu.ar

Comprender los patrones y procesos asociados a la variación geográfica de la diversidad genética en todo el rango de distribución de una especie es un aspecto central en la biología evolutiva. En Patagonia, las fluctuaciones climáticas del Cuaternario afectaron la diversificación y distribución de los organismos promoviendo diversos procesos demográficos. En el caso particular de las plantas con flores los estudios filogeográficos realizados con ADN del cloroplasto y nuclear nos permiten reconstruir la historia evolutiva de una especie analizando el flujo génico histórico llevado a cabo tanto por la dispersión de sus semillas como por el transporte del polen por sus polinizadores. De este modo, el estudio de los patrones de diversidad genética obtenidos de cada tipo de genoma podrían reflejar diferentes procesos evolutivos. Dos especies hermanas, *Calceolaria uniflora* Lam. y *C. fothergillii* Ait., hierbas perennes que crecen en la estepa de la Patagonia austral e islas Malvinas, respectivamente, presentan la particularidad única dentro de la familia Calceolariaceae de que sus flores ofrecen un cuerpo nutricional buscado por diversas aves frugívoras. Se muestrearon 312 individuos en un total de 38 sitios cubriendo el rango geográfico de ambas especies. Se secuenciaron dos fragmentos del ADN cloroplastidial (*trnS-trnG* y *trnH-psbA*) y un fragmento no codificante de copia única del ADN nuclear. Se realizaron, separadamente para cada genoma redes de haplotipos, análisis espaciales de la diversidad genética, análisis demográficos y dataciones. Se obtuvieron 23 y 18 haplotipos respectivamente, con una alta estructuración geográfica en sentido E-O; para el ADNcl la diversidad genética (h) fue alta para las poblaciones del E y baja para las del O, sólo el linaje occidental mostró señales de expansión demográfica; el ADNn mostró el patrón opuesto tanto en la distribución de la diversidad genética como en las señales de expansión. El AMOVA mostró diferencias significativas entre la diversidad genética de zonas glaseadas vs no glaseadas sólo para el ADNcl, mientras que la regresión entre la riqueza de aves y la diversidad genética dio significativa sólo para el ADNn, mostrando que los sitios de mayor diversidad genética son aquellos con mayor riqueza de aves. Las relaciones filogenéticas de los linajes siempre muestran la monofilia de *C. fothergillii*, pero se recupera como recíprocamente monofilética con *C. uniflora* con el ADNcl, pero parafilética con el ADNn. La diversificación de los principales linajes se habría producido alrededor del millón de años, según ambos genomas. Los patrones observados a través del ADNcl estarían más asociados a procesos históricos, como los efectos de las glaciaciones pleistocénicas, en particular la Gran Glaciación Patagónica ocurrida 1 millón de años atrás, con refugios de alta diversidad genética al E y expansión de rango hacia el O durante la retracción de los hielos. El ADNn por el contrario, muestra patrones de distribución de la diversidad genética correlacionados positivamente con procesos contemporáneos como la riqueza de aves, las que incrementarían el flujo génico entre individuos y entre poblaciones. *C. fothergillii* presentó baja diversidad genética nuclear en correspondencia con la presencia de una única especie de ave polinizadora y su gran distancia al continente, que impedirían un mayor flujo génico. Los patrones opuestos obtenidos con el ADNn y ADNcl nos permiten mostrar la influencia de factores históricos (glaciaciones) vs. contemporáneos (polinizadores) en la configuración de la diversidad genética. **Agradecimientos:** APN, CONICET, FONCyT, Falkland Conservation. MCAcosta, AACocucci, PRiquez, SBenitez Vieyra, DCarmona, RUPson.

PATRONES FILOGEOGRÁFICOS Y MODELADO DE LA DISTRIBUCIÓN DE *Centris cineraria*, UNA ABEJA ENDÉMICA DE PATAGONIA

M Sosa Pivatto ¹, A Cosacov ¹, A Espíndola ², A Sérsic¹

¹Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET-UNC). ² Department of Biological Sciences, University of Idaho, USA. marisosapivatto@gmail.com

Los procesos históricos, como el levantamiento de los Andes y los cambios climáticos del Cuaternario, tuvieron una gran influencia en la biogeografía de Patagonia ya que afectaron el rango de distribución de los organismos, provocaron extinciones locales, y modificaron los regímenes selectivos, dejando una impronta en los atributos genéticos de las especies. Un enfoque filogeográfico permite inferir estos procesos poblacionales históricos, como la supervivencia en refugios glaciares, rutas de colonización y expansiones demográficas recientes. Una aproximación complementaria es el modelado del nicho ecológico basado en datos paleoclimáticos, que reconstruye la distribución potencial de los organismos en escenarios pasados.

En la Estepa Patagónica, región pobre en insectos voladores, se distribuye *Centris cineraria*, una especie endémica de abeja solitaria, colectora de aceites. Se trata en muchos casos del único o principal polinizador de numerosas angiospermas de la comunidad, incluyendo a una gran diversidad de familias a las que visita en busca de néctar, polen y aceites florales. Su rango de distribución se extiende en Chile desde -30,65° a -36,10° S en la zona central del Matorral Chileno y el extremo norte del Bosque Templado Valdiviano, y en Argentina desde -35,10° hasta -51,70° S, abarcando la Estepa Patagónica, la Payunia y los pastizales Alto Andinos en la latitud 41° S.

En este trabajo se incluyeron 258 individuos, procedentes de 71 localidades, abarcando todo su rango de distribución geográfica. Se obtuvieron secuencias mitocondriales correspondientes al Citocromo b. Dado que se evidenció heteroplasmia, los doble pico se codificaron según el código IUPAC. Posteriormente, se generaron todas las variantes alélicas utilizando el programa PHASE. Con el programa NETWORK se reconstruyeron las relaciones genealógicas entre los haplotipos obtenidos. A partir de 208 puntos de presencia y de datos climáticos y paleoclimáticos se reconstruyó la distribución de *C. cineraria* hace 120 mil y 12 mil años atrás, a través de modelado de nicho ecológico (MNE).

En la red se observa un haplotipo central, muy abundante y muy distribuido principalmente al Este de los Andes; de este haplotipo se deriva un clado correspondiente exclusivamente a haplotipos encontrados en poblaciones al Oeste de los Andes, y diversos clados estructurados latitudinalmente. A pesar de que la Cordillera de los Andes constituye una barrera importante para la dispersión de diversos organismos, los resultados muestran dos conexiones independientes entre los linajes al Oeste y Este de la Cordillera, siempre a través de una misma área localizadas a -37,90° S y -71,10° O, donde se encuentran las únicas localidades que presentan haplotipos compartidos entre ambas regiones. En esta área se detectaron además localidades con altos niveles de diversidad de haplotipos, planteándose como putativos refugios glaciares, coincidentes con lo reportado en estudios previos. Los MNE recuperan como áreas de alta probabilidad de ocurrencia y estables en el tiempo al área de conexión entre ambos lados de la Cordillera, apoyando la idea de que esa zona permitió el desplazamiento de las abejas; y a la zona al Oeste de la Cordillera, dicha estabilidad climática podría haberle permitido a la especie persistir en el lugar y diversificarse, como lo sugiere la presencia de numerosos haplotipos exclusivos.

ESTUDIO DE LA EVOLUCIÓN MORFOLÓGICA DE LAS ESPECIES DE ARAÑAS DEL GÉNERO *Philisca* (Araneae, Anyphaenidae)

EM Soto¹, P Milla Carmona², N Mongiardino Koch³, S Ceccarelli⁴, MJ Ramírez⁵

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA (CONICET-UBA).

²Departamento de Ciencias Geológicas, Instituto de Estudios Andinos “Don Pablo Groeber” (IDEAN, CONICET-UBA). ³Department of Geology & Geophysics, Yale University, USA. ⁴Departamento de Biología de la Conservación, Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, México. ⁵División de Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”. edusoto@ege.fcen.uba.ar

Introducción: Los archipiélagos oceánicos proveen de condiciones excepcionales para el estudio de patrones evolutivos, entre los que destaca el estudio de radiaciones adaptativas. Los nuevos nichos ecológicos disponibles en las islas volcánicas son ocupados gradualmente por las especies con potencial evolutivo para hacerlo, eventualmente resultando en endemismos locales. El género *Philisca* es endémico de la selva templada Valdiviana (ubicada a lo largo la cordillera de los Andes, en Chile y Argentina) y la isla Robinson Crusoe (archipiélago Juan Fernández, Chile). El género está conformado por 14 especies de las cuales 6 son endémicas de la isla. Estudios previos han mostrado que a lo largo de la historia evolutiva del género, existió un evento único de colonización de la isla hace aproximadamente 2 millones de años seguido de un aumento en la tasa de especiación, generando las 6 especies antes mencionadas. Las especies isleñas parecerían mostrar mayores tamaños corporales como también la ocupación de diversos nichos ecológicos no observados en el continente. Nuestro objetivo es evaluar la evolución de los diferentes caracteres morfológicos en la historia evolutiva del género *Philisca*, y su asociación con la colonización de nuevos nichos en la isla Robinson Crusoe.

Materiales y Métodos: Analizamos 14 especies de género de *Philisca*. Por cada especie se tomaron medidas lineales del cuerpo de 5 hembras elegidas al azar. Las medidas fueron estandarizadas por tamaño máximo corporal para evitar efectos alométricos. Analizamos por un lado el tamaño corporal, estimado como el largo corporal total, y los componentes principales de la forma corporal, obtenidas a partir de un análisis de componentes principales de las variables morfológicas corregido por la estructura filogenética. Utilizamos los paquetes *phytool*, *phylolm* y *geiger* en R para obtener los componentes principales corregidos y evaluar el modelo morfológico evolutivo que mejor se ajusta a la evolución morfológica del género *Philisca*. Para ello, utilizaremos como hipótesis una filogenia molecular calibrada obtenida a partir de cuatro genes (COI, 16S, 28S y Histona3) por medio de método Bayesiano de reconstrucción.

Resultados y Discusión: Las especies del continente ocupan un área diferente del morfoespacio que las especies de las islas. A su vez estas últimas exploran un área mayor. El tamaño corporal ajustó a un modelo de evolución *Ornstein-Uhlenbeck*, en donde el género estaría evolucionando hacia un óptimo morfológico, evidenciando un proceso adaptativo. En cambio, los componentes asociados a la forma corporal estarían evolucionando bajo otros modelos evolutivos dependiendo del componente estudiado. Estos resultados indicarían que la diversificación morfológica se encuentra asociada al uso de diferentes nichos por parte de las especies de *Philisca*.

Conclusiones: La evolución de la morfología corporal de las especies del género *Philisca* parecería evidenciar una compleja historia evolutiva dominada por el efecto de colonización de los nichos nuevos de una isla. Más análisis serán necesarios para obtener mayores detalles sobre la historia evolutiva del clado.

Agradecimientos: Al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), al Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia” (MACN) y a la Universidad de Buenos Aires (UBA).

EFFECTO DE LA ACLIMATACIÓN SOBRE EL ÉXITO DE APAREAMIENTO EN ALTA TEMPERATURA EN *Drosophila melanogaster*

L Stazione, F Norry, P Sambucetti

Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. pablosambucetti@ege.fcen.uba.ar

La termotolerancia puede ser influenciada por exposiciones previas a altas temperaturas. Este tipo de respuesta plástica es considerada frecuentemente como beneficiosa y adaptativa cuando la termotolerancia se ve incrementada. En el contexto del cambio climático actual, la capacidad de los organismos para responder al estrés por alta temperatura resulta sumamente importante para la adaptación a los ambientes térmicamente variables. *Drosophila* es uno de los organismos modelos más reconocidos y ampliamente utilizados para estudios genético evolutivos y en particular para el estudio de la resistencia al estrés ambiental. La base genética de la resistencia al estrés térmico ha sido ampliamente estudiada en el modelo *Drosophila*. Diversos estudios han mostrado que los genes o sistemas de respuesta al estrés por calor pueden tener efectos directos también sobre otros caracteres más estrechamente relacionados al *fitness*. En este trabajo se evaluó el efecto de la aclimatación sobre el éxito de apareamiento en altas temperaturas en líneas *D. melanogaster* de alta y baja resistencia al calor.

Se utilizaron dos líneas homocigotas para variantes alélicas de un QTL para la resistencia al estrés por calor localizado en la banda 10 del cromosoma X. Una línea tiene fijada la variante alélica de alta resistencia al calor y la otra tiene fijada la variante de baja resistencia para el QTL indicado, mientras que el resto del genoma segrega al azar. Se realizaron mediciones del éxito de apareamiento a 33°C, 25°C y 33°C luego de un pre-tratamiento de aclimatación.

Se observaron diferencias significativas para el éxito de apareamiento entre los distintos tratamientos no así entre líneas. Dichas diferencias fueron significativas sólo en las hembras, siendo el éxito de apareamiento significativamente menor en el tratamiento a 33°C respecto de los tratamientos a 25°C y 33°C con un pre-tratamiento de aclimatación. No se observaron diferencias significativas entre estos dos últimos tratamientos. Los resultados sugieren que un pre-tratamiento de aclimatación puede derivar en efectos beneficiosos para el éxito de apareamiento en altas temperaturas. Un estudio previo localizó un QTL para la aclimatación al calor cercano al QTL de termotolerancia estudiado. Este QTL podría estar afectando también la aclimatación en el éxito de apareamiento en alta temperatura.

Estos resultados resaltan la importancia de la aclimatación como un fenómeno de plasticidad fenotípica de relevancia para la adaptación a las altas temperaturas, especialmente en caracteres estrechamente relacionados al *fitness* como es el éxito de apareamiento.

Agradecimientos: Fuentes de financiamiento UBACyT, CONICET, ANPCyT.

TASAS DE EVOLUCIÓN DIFERENCIAL EN LA GENITALIA DEL MACHO EN ESPECIES HERMANAS DE *Drosophila*

MI Stefanini^{1,2}, P Milla Carmona³, PP Iglesias^{1,2}, E Soto^{1,2}, IM Soto^{1,2}

¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires. ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB-CONICET). Buenos Aires. ³Instituto de Estudios Andinos 'Don Pablo Groeber', Departamento de Ciencias Geológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires.

Introducción: *D. koepferae* y *D. buzzatii* son especies hermanas integrantes del grupo *repleta*, moscas cactofilas que habitan a lo largo del continente americano. En este trabajo realizamos análisis intraespecíficos en *D. koepferae* y luego a través de análisis de disparidad morfológica comparamos los patrones de divergencia con *D. buzzatii*.

Materiales y Métodos: Se realizaron contornos abiertos usando transformación de cosenos discretos (DST) en aedeagos de cinco poblaciones salvajes de *D. koepferae*. A partir de PCA un PERMANOVA y ANOVA para evaluar la divergencia morfológica entre las poblaciones. Mediante el uso de PSTs construidos a partir de los PCs scores y ANOVAs, realizamos diversas comparaciones con distancias genéticas FST tendientes a evaluar el nivel de variación morfológica en relación a proxys de variación neutra. Comparamos a *D. koepferae* y *D. buzzatii* a través de un análisis de disparidad morfológica.

Resultados: El tamaño de los aedeagos de *D. koepferae* fue diferente entre las poblaciones. No así la forma. El tamaño estaría variando neutralmente. La forma lo estaría haciendo principalmente por debajo de la tasa neutra en valores esperados por selección estabilizadora. Una porción menor de la forma varía en valores neutros y otra en valores esperados para procesos de selección direccional. *D. koepferae* muestra una disparidad morfológica mucho menor que *D. buzzatii*.

Discusión: El aedeago *D. koepferae* ha estado divergiendo principalmente por selección estabilizadora bajo el modelo propuesto por la hipótesis de "Lock-and-Key" aunque también bajo procesos de selección sexual para los patrones de selección direccional observada. La menor disparidad de *D. koepferae* con respecto a *D. buzzatii* apoya el modelo de "Lock-and-Key" propuesto para la primera y también el de selección sexual para la segunda.

Conclusiones: El aedeago de *D. koepferae* estaría evolucionando principalmente bajo el modelo de "Lock-and-Key" pero también bajo procesos que involucran patrones de selección antagónicos.

Agradecimientos: Agradecemos especialmente a Paula Lipko por la obtención de los genes COIs y el cálculo de la matriz de FST.

EL FENOTIPO REPRODUCTIVO DE LAS ANGIOSPERMAS ES UN MOSAICO DINÁMICO DE MORFOLOGÍAS

MM Strelin^{1*}, LD Harder², MA. Aizen¹

¹Laboratorio Ecotono, INIBIOMA (Universidad Nacional del Comahue-CONICET), Pasaje Gutierrez 1125, 8400 Bariloche, Rio Negro, Argentina. ²Department of Biological Sciences, University of Calgary, Calgary, Alberta, Canada T2N 1N4. *marina.strelin85@gmail.com

El fenotipo morfológico de los organismos unitarios (casi todos los animales) puede ser identificado como la estructura relativamente fija de un organismo adulto (dicho de otro modo, que ha alcanzado la madurez reproductiva). Los órganos de estos organismos comienzan a diferenciarse en el embrión, y su desarrollo involucra crecimiento y cambio en la morfología durante una fase juvenil, hasta alcanzar una morfología fija en el adulto (que luego envejece y muere). En algunos organismos unitarios, por ejemplo en los insectos holometábolos, la morfología y la función de las fases larval y adulta difieren marcadamente, y ambas interactúan de manera directa con el ambiente externo. En otros organismos unitarios, como en la mayoría de los vertebrados, la fase juvenil es típicamente efímera y se encuentra aislada del ambiente externo. Por ende, la interacción de esta clase de organismos con el ambiente externo está principalmente mediada por la morfología del adulto.

Independientemente de si tanto la fase embrionaria como la larval se encuentran en contacto directo con el ambiente externo, la adaptación de la morfología “adulta” en los organismos unitarios siempre requiere el funcionamiento y la evolución apropiados del programa de desarrollo que genera esa morfología. Esto demanda una explicación más amplia del fenotipo de los organismos, que lo considere como resultado evolutivo integrado de las trayectorias ontogenéticas, la morfología y la función.

En el caso de los organismos metaméricos (por ejemplo las plantas), el fenotipo morfológico requiere una explicación incluso más amplia. Los cuerpos de este tipo de organismos consisten en colecciones integradas de unidades que se repiten (metámeros). Los organismos metaméricos crecen, principalmente, mediante la adición continuada de metámeros pluripotentes. De este modo, la iniciación del desarrollo de los órganos (incluidas las gónadas), su crecimiento (incluyendo la regeneración) y su muerte (programada) ocurren a lo largo de toda la vida del organismo. Es por ello que la morfología de los organismos metaméricos puede considerarse dinámica. A su vez, en la medida en que las distintas copias de un órgano de un organismo metamérico difieran en su desarrollo (y por ende en su morfología), el fenotipo morfológico de esta clase de organismos puede considerarse un mosaico dinámico de morfologías. Y la aptitud global de dicho mosaico sería el resultado de la integración de las aptitudes parciales de todas las copias de órganos (a lo largo de todas sus fases del desarrollo).

En esta charla elaboraré el concepto de organismo como mosaico dinámico de morfologías. Esta conceptualización del fenotipo podría afectar nuestras interpretaciones acerca de la ecología y la evolución de la morfología en organismos metaméricos. Estructuraré esta charla en torno a las estructuras reproductivas de las angiospermas (las flores y las inflorescencias), dado que han recibido recientemente una considerable atención en biología evolutiva. Además ilustran con claridad varios aspectos relevantes. No obstante, las conclusiones generales que derivan de esta nueva perspectiva deberían poder extrapolarse a otras estructuras vegetativas y a otros taxones de organismos metaméricos.

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y DIFERENCIACIÓN DE ENTIDADES EN UN COMPLEJO DE ESPECIES DE *PROSOPIS* EN EL GRAN CHACO AMERICANO

I Teich^{1,2}, A Cosacov^{1,3}, D Lopez Lauenstein², C Vega², A Sérsic^{1,3}, A Verga²

¹ CONICET, ² Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales, CIAP-INTA, ³ Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal teich.ingrid@inta.gob.ar

Introducción: Para el éxito a largo plazo de los programas de mejoramiento y conservación de especies forestales nativas es necesario considerar los procesos evolutivos que generan y mantienen la variabilidad genética y el potencial adaptativo de las especies. En el género *Prosopis*, se reconocen complejos de especies, como los algarrobos blancos, que tienen la capacidad de intercambiar información genética, lo cual ha sido propuesto como un mecanismo que incrementa su variabilidad y potencial evolutivo, además de generar alta diversidad en los puntos de contacto entre las mismas. Si bien se ha planteado a dicho complejo como una única unidad evolutiva (singameon) hasta el momento no se ha analizado la variación morfológica ni genética del complejo en todo su rango de distribución, información fundamental para dilucidar los procesos evolutivos subyacentes. En este trabajo se analiza el patrón espacial de la variación morfológica de caracteres foliares y su asociación con características climáticas en los algarrobos blancos; además, se identifican entidades morfológicas y en base a esto se realiza una primera caracterización de los principales linajes genéticos del complejo. Con este trabajo se espera contribuir al ordenamiento del recurso genético del Algarrobo mediante la diferenciación de entidades y el mapeo de focos de diversidad morfológica.

Materiales y Métodos: Se muestrearon 927 individuos de algarrobos blancos en la región Chaqueña (Argentina, Bolivia y Paraguay). Los individuos fueron georreferenciados, caracterizados mediante 11 variables de hoja y clasificados en grupos morfológicos (*P. alba* "chaqueño", *P. alba* "santiagoño", *P. alba* "salteño", *P. chilensis* "boliviano", *P. chilensis* "argentino", *P. fibrigii*, *P. hassleri* e híbridos). Asimismo, para cada punto se obtuvieron 19 variables bioclimáticas derivadas de valores de temperatura y precipitación mensuales. La autocorrelación espacial de la variabilidad morfológica se analizó mediante el índice de Moran, tanto de cada variable como de variables sintéticas obtenidas mediante un Análisis de Componentes Principales. Para visualizar los patrones espaciales de variabilidad morfológica y ambiental se realizaron mapas sintéticos mediante la interpolación de las componentes principales. Para identificar focos de diversidad morfológica se establecieron grillas y se calcularon los coeficientes de variación de las variables morfológicas. La asociación entre la variabilidad climática y morfológica se evaluó mediante la Prueba de Mantel Parcial.

Resultados y Discusión: Los caracteres de hoja presentaron autocorrelación espacial positiva y estadísticamente significativa. La variabilidad morfológica y la variabilidad climática se encuentran asociadas ($p < 0.01$). A nivel macrogeográfico puede observarse que en las zonas norte y este de la región chaqueña (Bolivia, Paraguay y este de Formosa y Chaco en Argentina) las hojas son en general más grandes, presentan menor número de pinnas y de foliólulos y éstos están más separados entre sí. A medida que las temperaturas y precipitaciones disminuyen hacia el sur y el oeste, las hojas son más pequeñas, con mayor número de pinnas y de foliólulos. Sin embargo, en el extremo sur de la distribución del grupo, donde predomina el morfotipo *P. chilensis* "argentino", no se observa tal asociación. Se detectaron tres principales focos de variabilidad morfológica, localizados al noreste, norte y suroeste de la distribución.

Conclusiones: los resultados evidencian un patrón continuo de variabilidad morfológica asociado al gradiente climático y las zonas de mayor variabilidad morfológica se corresponden con las de contacto entre morfotipos. Las asociaciones entre variación fenotípica y ambiente suelen reflejar procesos evolutivos de adaptación local, sugiriendo que este conjunto de especies/morfotipos respondería como un único complejo evolutivo a las variaciones ambientales, donde cada morfotipo se encontraría ocupando una porción del gradiente ambiental del Gran Chaco Americano.

Agradecimientos: A INTA, CONICET, FONCYT, CSIRO.

GRUPOS FUNCIONALES DE HERBÍVOROS EJERCEN DISTINTAS PRESIONES SELECTIVAS SOBRE RASGOS DE LAS PLANTAS

M Valoy¹, M Ordano², FX Palacio^{2,3}, O Varela⁴

¹Fundación Miguel Lillo, Tucumán, ²Unidad Ejecutora Lillo (UEL), Fundación Miguel Lillo & CONICET, Tucumán,

³Facultad de Ciencias Naturales y Museo, La Plata & CONICET, ⁴Fundación Miguel Lillo y Universidad Nacional de Chilecito, La Rioja. mevaloy@gmail.com

Introducción: Las plantas ejercen influencia en los herbívoros mediante la expresión variable de sus rasgos. Los niveles de variación sub-individual en los rasgos foliares configuran múltiples fenotipos que serán percibidos y explotados diferencialmente por los distintos grupos funcionales de insectos herbívoros. La variación en rasgos de las plantas impacta negativamente sobre la adecuación de los herbívoros y la magnitud del daño depende de la función ecológica (identidad) del herbívoro. Los herbívoros con mayor aversión al riesgo ejercerán presiones de selección diferentes a herbívoros con menor aversión al riesgo. En otros términos, la capacidad adaptativa de los herbívoros depende del grupo funcional, y en consecuencia, la intensidad de la selección, sobre rasgos de las plantas. Aquí exploramos estas ideas.

Materiales y Métodos: El trabajo fue realizado en la Reserva Aguas Chiquitas (Tucumán). En 52 plantas de *Vassobia breviflora* (Solanaceae) medimos 1783 hojas (mediana = 30 hojas por planta). Estimamos la selección mediada por herbívoros sobre distintos tipos de daño que reflejaron distintos grupos funcionales (cortador, punteado, mixto), rasgos de las hojas y del despliegue de frutos. Como medida de adecuación usamos el promedio de semillas por fruto. Usamos análisis de selección multivariado en base a modelos aditivos generalizados, controlando por tamaño de la planta.

Resultados y Discusión: Los grupos funcionales de herbívoros ejercen presiones de selección diferentes sobre rasgos de las plantas. Encontramos selección sobre la media del daño foliar por cortadores (gradiente de selección lineal = 0,011; gradiente de selección cuadrático = 0,012); selección sobre la combinación entre el daño por cortador y el tamaño del fruto (gradiente de selección correlativa = 0,049). En cambio, encontramos selección en contra de la variación del tamaño del fruto (gradiente de selección lineal = -0,232) y selección no lineal sobre la variación en el daño punteado (gradiente cuadrático = 0,01). No encontramos selección correlativa sobre el daño producto de los grupos funcionales.

Conclusiones: La forma e intensidad de la selección mediada por herbívoros sobre rasgos de las plantas parece depender de las diferentes presiones de selección ejercidas por distintos grupos funcionales. La herbivoría por insectos cortadores y perforadores difiere en magnitud y en consecuencia en la forma e intensidad de la selección.

ANTAGONISTAS Y MUTUALISTAS COMO FUERZAS SELECTIVAS SOBRE LA VARIACIÓN SUB-INDIVIDUAL EN RASGOS DE LAS PLANTAS

M Valoy¹, FX Palacio^{2,4}, A Benavidez³ M Ordano².

¹Fundación Miguel Lillo, Tucumán, ²Unidad Ejecutora Lillo (UEL-FML), Fundación Miguel Lillo & CONICET, Tucumán. ³Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA), Universidad Nacional de Jujuy & CONICET, ⁴Facultad de Ciencias Naturales y Museo, La Plata & CONICET, mevaloy@gmail.com

Introducción: En las interacciones planta-animal, antagonistas y mutualistas ejercen diferentes fuerzas selectivas sobre el fenotipo de las plantas. Aquí, revisamos la premisa de que la variación sub-individual en rasgos del despliegue de hojas, flores y frutos, derivada de la producción de múltiples estructuras repetidas, es un rasgo adaptativo que permite resolver conflictos entre plantas y animales. La variación sub-individual permitiría la reducción de costos o mayor eficiencia de asignación en las plantas, y condicionaría la eficiencia de forrajeo de los animales a distintos niveles jerárquicos y en consecuencia, la magnitud de la selección natural. En este trabajo proponemos un esquema conceptual sobre el valor adaptativo de la variación sub-individual y, con datos empíricos, comparamos la forma e intensidad de la selección ejercida por herbívoros foliares, polinizadores y frugívoros dispersores de semillas sobre la variación sub-individual en rasgos de las plantas.

Materiales y Métodos: Construimos un esquema conceptual basado en la teoría de forrajeo óptimo, y en la ecología evolutiva de interacciones planta-animal. La comparación de la forma e intensidad de la selección la hicimos en base a datos publicados y propios, con datos de coeficientes de selección sobre rasgos de las plantas a nivel sub-individual.

Resultados y Discusión: En general, herbívoros foliares, frugívoros y polinizadores ejercen presiones en contra de la variación sub-individual en rasgos de las plantas. La intensidad de la selección mediada por animales sobre la variación sub-individual es generalmente menor que sobre rasgos de valor único. Los resultados sugieren que la estrategia óptima sería un despliegue de la planta con niveles bajos de variación sub-individual, sea que se trate de hojas, flores o frutos. Sin embargo, una reducción de la variación sub-individual sería restringida por costos de producción y de asignación de recursos en el follaje. En los animales, las estrategias de elección de recursos se presumen jerárquicas. Como consecuencia, la intensidad de la selección mediada por animales sobre rasgos a nivel sub-individual sería menor que sobre rasgos de valor único. Asimismo, la correlación entre caracteres de las plantas promovería escenarios donde se favorece mayor variación sub-individual. La labilidad del comportamiento animal, y la capacidad de aprendizaje ante estrategias variables, mantendrían la variación sub-individual bajo menores presiones de selección, y brinda la oportunidad para la evolución de estrategias diversas en las plantas.

Conclusiones y Agradecimientos: Típicamente, el desarrollo y la disponibilidad y asignación de recursos son causas de variación sub-individual. Aquí mostramos que bajo ciertas condiciones, la variación sub-individual es adaptativa, aunque la intensidad de la selección es generalmente baja. Además, la detección de selección disruptiva (u otros tipos de selección) que reflejen estrategias variables en las plantas es poco común en estudios de selección.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA A TRAVÉS DE MICROSATÉLITES EN UNA ZONA DE CONTACTO ENTRE *Prosopis alba* y *P. hassleri* EN LA PROVINCIA DE FORMOSA

C Vega^{1*}, MC Acosta², A Verga¹, A Cosacov²

¹Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV-CIAP-INTA)²Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV) CONICET – UNC*vega.carmen@inta.gob.ar

Introducción: El género *Prosopis* pertenece a la Familia Fabaceae, subfamilia Mimosoideae. Este género incluye especies que son apreciadas principalmente por sus atributos maderables, además de las múltiples aplicaciones que poseen. En las especies de este género es frecuente la ocurrencia de híbridos interespecíficos e introgresantes, los cuales generan alta variabilidad genética en estos complejos de especies, generando interesantes sistemas para su estudio y posterior conservación. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar la variabilidad genética encontrada en diferentes puntos de contacto de 4 morfotipos de *Prosopis*, principalmente *P. alba* y *P. hassleri*, en la Provincia de Formosa, a través de microsatélites.

Materiales y Métodos: Se analizó un total de 74 individuos pertenecientes a 4 morfotipos de *Prosopis* (*P. alba*, *P. hassleri*, *P. fiebrigii* y un putativo híbrido *P. alba* x *P. hassleri* y). Se utilizó un conjunto de 6 marcadores SSR, 2 de ellos desarrollados por Mottura (Mo08 y Mo13) que han sido exitosamente probados en *P. alba* y *P. hassleri* y 4 loci de microsatélites (GL6, GL8, GL12 Y GL15) desarrollados por Bessega específicamente para *P. alba*. Los parámetros de diversidad: número de alelos por locus (A), porcentaje de loci polimórficos (P) y heterocigocidad esperada (He) fueron analizados con el programa GenAlEx 6.5. También se calculó la distancia estándar de Nei entre los diferentes morfotipos, y mediante AMOVAs se evaluó si hay diferencias significativas entre los grupos. Finalmente, se estimó el número de grupos genéticos (K) mediante el programa Structure. Se probaron valores de K desde K=1 a K=5. Cada corrida tuvo un “burn-in” de 500000 pasos, con 30 iteraciones. El número de grupos genéticos (k) más probable se determinó con el método de Evanno con el programa Harvester.

Resultados y Discusión: Se obtuvo un 100 % de amplificación de todos los marcadores en todos los individuos. El número total de alelos encontrados fue de 65 y el número de alelos por locus varió de 3 a 13. El promedio de la heterocigocidad esperada (He) varió entre 0,52 (*P. hassleri*) a 0,65 (*P. alba*). El análisis de conglomerados utilizando la distancia de Nei muestra que los morfotipos intermedios están más relacionados a *P. hassleri* y *P. fiebrigii* que a *P. alba*, los sucesivos AMOVAs realizado entre pares de morfotipos indicó que sólo *P. alba* se diferencia significativamente del resto, mientras que *P. hassleri*, *P. fiebrigii* y el putativo híbrido *P. alba* x *P. hassleri* no difieren significativamente entre ellos. Esto es consistente con el análisis STRUCTURE que sugiere como número óptimo el de 2 grupos genéticos o clusters (K).

Conclusiones: A través de una caracterización morfológica realizada previamente se logró diferenciar individuos puros de morfotipos intermedios. Sin embargo, a nivel molecular, no se observó una clara diferenciación genética entre los morfotipos puros y los presuntos híbridos, pero si se evidenció que los distintos morfotipos comparten numerosos alelos, confirmando que en esta zona hay un importante intercambio de información genética entre ellos. Futuros estudios y análisis espacialmente explícitos serán necesarios para concluir sobre los procesos subyacentes a los patrones encontrados.

VARIACIÓN ECOTÍPICA EN CARACTERÍSTICAS FOLIARES Y RADICULARES DE *Embothrium coccineum* Y SU RELACIÓN CON EL AMBIENTE

A Zuñiga Feest¹, CP Souto², AC Premoli²

¹Laboratorio de Fisiología vegetal, Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia. # Lab. Ecotono-INIBIOMA-CONICET, Universidad Nacional del Comahue, Bariloche, Río Negro. cintiap.souto@gmail.com

Las especies de amplio rango que ocurren en distintos hábitats exhiben rasgos fisiológicos y morfológicos diferenciales en respuesta a factores ambientales. Esto se puede explicar de dos formas: la especie posee altos niveles de variación genética, y cada genotipo ocupa una porción del hábitat; o cada individuo posee una plasticidad fenotípica tal, que puede ocupar cualquier porción del hábitat. *Embothrium coccineum* Forst. & Forst. es una especie de amplia distribución (c. 20° de latitud) y que, al igual que otras Proteaceae, posee una adaptación radicular conocida como raíces proteoideas (RP) que mejoran la adquisición de nutrientes. Se han descrito cuatro ecotipos dentro de la especie usando la divergencia genética entre y dentro de dichas poblaciones. El objetivo de este trabajo es contrastar las características ambientales y edáficas de 5 poblaciones de *E. coccineum* en los extremos Norte y Sur de su distribución y comparar la variación genética, foliar y radicular en cada sitio. Se midieron caracteres morfológicos en hojas de cada población y en su sistema radicular (n° de RP, razón biomasa RP/biomasa total), en un jardín común con plántulas producidas a partir de semillas colectada en cada sitio. Se utilizaron análisis de varianza para observar diferencias significativas entre los grupos de poblaciones Norte y Sur. Las poblaciones de *E. coccineum* del Sur ocurren en ambientes más fríos, secos y en suelos con menos materia orgánica y nitrógeno que las poblaciones del Norte. Se observaron diferencias significativas en caracteres genéticos, foliares y radicales entre las poblaciones Norte y Sur. Las poblaciones son más variables genéticamente, las hojas son más redondas y los individuos presentan mayor razón biomasa RP/biomasa total en el Sur. La morfología de las hojas y raíces de *E. coccineum* refleja una estructura geográfica como adaptación a distintos regímenes de clima y suelo. Las diferencias genéticas observadas hacen pensar en genotipos localmente adaptados que tienden a divergir debido a la dispersión local de semillas, al restringido flujo de polen a causa del comportamiento territorial de los polinizadores y aislamiento temporal en la reproducción. La combinación de presiones de selección actuando sobre la variación morfológica y de procesos de aislamiento por distancia actuando sobre la variación genética, generarían ecotipos localmente adaptados lo que permitiría a ésta especie, y posiblemente a otras especies de amplia distribución con baja especificidad de hábitat, abarcar un amplio rango geográfico y ambiental.

Agradecimientos: PIP 0712, Fondecyt 1130440, PICT 2015-1563.

EVALUACIÓN DE LA INFORMACIÓN CITOGÉNÉTICA DE ESPECIES DE LA FLORA DEL GRAN CHACO AMERICANO

NEA Almirón, Murcia JE, EN Paredes, SA Fernández, IE Kovalsky, VG Solís Neffa

¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste. ²Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). E-mail: emiliaalmiron@yahoo.com.ar

Introducción: La duplicación del genoma completo (i.e. poliploidía) es el principal mecanismo de adaptación y especiación tanto en plantas como en el resto de los eucariotas. El 70% de las Angiospermas, incluidas numerosas especies cultivadas, serían de origen poliploide; mientras que en las Pteridófitas la frecuencia es del 95%. A pesar de la importancia de la poliploidía en la evolución de las plantas, las causas macroevolutivas de la alta proporción de poliploides en las floras locales es aún un tema de debate. Se ha sugerido que la ocurrencia de una alta proporción de poliploides estaría correlacionada con la adaptación, la colonización o el contacto secundario y la hibridación en ambientes inestables. La flora del Gran Chaco es un excelente modelo para probar si la estabilidad ambiental o las tasas de diversificación están asociadas con la duplicación de genomas enteros. Esta cuenca sedimentaria con escaso declive hacia el SE, fue rellenada durante el Cuaternario por materiales aportados por los cursos fluviales provenientes de la cordillera de los Andes y por sedimentos de origen eólico debido a numerosos cambios climáticos ocurridos desde el Pleistoceno. Comprende un extenso gradiente de humedad desde precipitaciones medias de 1.300 mm anuales en el este, hasta medias anuales menores de 500 mm en el oeste. La estacionalidad de las lluvias de verano se acentúa de E-W. Asociado a los cambios de clima y a las condiciones edáficas, la vegetación varía desde bosques xerófitos en el NW a bosques semidecíduos en el SE. En el Gran Chaco existen más de 3.400 especies de plantas, de las cuales aproximadamente 400 son endémicas. En este contexto y en el marco de un proyecto mayor orientado a integrar la información genética y evaluar el papel evolutivo de la duplicación de genomas completos en la biodiversidad de la flora del Gran Chaco Americano, en este trabajo se analizó la frecuencia de la poliploidía en las especies Chaqueñas.

Materiales y Métodos: Se recopiló la información cromosómica disponible de las especies chaqueñas a partir de búsquedas en los índices de números cromosómicos (somáticos y gaméticos) y en la literatura específica. En aquellas especies cuya distribución abarcaba ecorregiones vecinas, se analizó el número de recuentos cromosómicos realizados efectivamente en poblaciones provenientes del Gran Chaco o de otras ecorregiones.

Resultados y Discusión: Los resultados obtenidos demostraron que sobre un total de 626 especies investigadas, se dispone de información cromosómica de sólo el 18%. El mayor porcentaje de especies estudiadas son Dicotiledoneae, siendo las Asteraceae (22%), Fabaceae (21%) y Solanaceae (18%) las familias más estudiadas. Dentro de las Monocotiledoneae, la familia mejor representada es Poaceae (71%). Del total de especies analizadas sólo el 28% corresponde a poblaciones del Gran Chaco, mientras que las restantes fueron realizadas en poblaciones provenientes de otras ecorregiones. Asimismo, el 13% de las especies analizadas son poliploides, siendo el citotipo tetraploide el más frecuente (57%), seguido de los triploides (35%). El 9% de los poliploides presentaban niveles de ploidía altos. Los resultados preliminares aquí obtenidos evidencian que, a pesar de su valor ecosistémico, la región Chaqueña está escasamente representada en los estudios genéticos en plantas en relación a otros biomas sudamericanos. Asimismo, aunque el porcentaje de poliploides detectado es relativamente bajo, es posible que el porcentaje de poliploides haya sido subestimado por la ocurrencia de eventos de paleopoliploidización o de diploidización.



**II RABE
2017**

**COMUNICACIONES LIBRES
“GENÓMICA Y GENÉTICA DEL DESARROLLO”**

REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL DEL GEN *FOXP2* EN *Homo sapiens* DESDE UN ENFOQUE EVOLUTIVO

AL Caporale¹, LF Franchini¹

¹Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular (INGEBI-CONICET), Buenos Aires, Argentina. alcaporale89@gmail.com

Introducción: La adquisición de nuevos patrones de expresión de genes relacionados con el desarrollo y la función cerebral en el linaje humano, habría sido crítica para su evolución neuroanatómica y sus capacidades cognitivas diferenciales. Esta expresión novedosa estaría codificada por cambios en las regiones regulatorias de estos genes. A partir de un agrupamiento realizado en nuestro laboratorio de distintas bases de datos *genome-wide* de regiones no codificantes conservadas en Vertebrados pero aceleradas en el linaje humano (Human Accelerated Elements, HAEs), nos disponemos a caracterizar funcionalmente a aquellas que se encuentran en el locus del gen *FOXP2*, el cual posee una cantidad considerable de HAEs y es un factor de transcripción clave para el desarrollo del habla en *Homo sapiens*, aunque presenta un patrón de expresión conservado entre Vertebrados.

Materiales y Métodos: Para chequear la potencial función regulatoria de los HAEs, cada uno de estos elementos fue amplificado por PCR desde ADN genómico, clonado en un vector plasmídico (pXIG_cFosGW) río arriba al promotor mínimo del gen *cFos* de ratón fusionado al gen reportero *eGFP*; y evaluado *in vivo* a partir de la generación de líneas estables de peces cebras transgénicos (*Danio rerio*), mediante el análisis espacio-temporal de la expresión de la proteína reportera. Este análisis se realizó de manera comparativa ya que, utilizando la misma estrategia experimental, se probaron las secuencias ortólogas presentes en el genoma de chimpancé (*Pan troglodytes*), nuestro pariente primate más estrechamente relacionado. Para vincular las zonas de expresión del reportero con la proteína endógena *foxP2* de pez cebras, se realizaron ensayos de doble inmunohistoquímica.

Resultados: Se generaron al menos tres líneas estables independientes con cada transgen microinyectado, para obtener un patrón de expresión consistente, no sesgado por el entorno cromosómico donde ocurrió la inserción. Algunas de las líneas analizadas en este trabajo mostraron expresión diferencial de la proteína reportera entre secuencias ortólogas. Ensayos preliminares de doble inmunohistoquímica sobre cortes en criostato de peces transgénicos mostraron colocalización parcial en telencéfalo, tectum y cerebelo; áreas reportadas de expresión de *foxP2* en pez cebras y distintas especies de Vertebrados, incluidos humanos y chimpancés.

Discusión y Conclusión: El modelo experimental utilizado sirvió para evaluar la funcionalidad *in vivo* de estas potenciales regiones regulatorias. Para un análisis más preciso de los territorios de expresión, se seleccionarán a aquellas secuencias que presentaron diferencias entre ortólogos para un análisis similar en ratones transgénicos, un organismo modelo mamífero filogenéticamente más cercano a los Primates.

SED O NO SED: ARQUITECTURA GENÉTICA DE LA RESISTENCIA A LA DESECACIONJJ Fanara^{1,2}, AM Villa¹, P Sassi³, J Goenaga⁴, E Hasson^{1,2}

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. ²IEGEB-CONICET, FCEN, UBA. ³IADIZA-CONCET, Mendoza. ⁴AIAS, Aarhus University, Dinamarca. jjfanara@ege.fcen.uba.ar

Introducción: Uno de los mayores desafíos de las poblaciones en la naturaleza es adaptarse a los cambios y restricciones del ambiente. La falta de agua es uno de los condicionantes ambientales que afecta a un gran número de especies, principalmente las que habitan ambientes áridos. La resistencia a la desecación (RD) es un carácter de singular importancia adaptativa cuya expresión está determinada por factores genéticos y ambientales. A fin de estudiar la arquitectura genética de la RD, caracterizamos las bases genéticas y analizamos efectos contexto dependiente de los genes involucrados en la variación de este carácter en líneas derivadas de una población natural de *Drosophila melanogaster*.

Materiales y Métodos: Se utilizaron 39 líneas de la colección denominada Panel de Referencia Genómica de *Drosophila* que deriva de capturas realizadas en Carolina del Norte (EEUU), cuyos genomas se han secuenciados luego de 20 generaciones de cruzamientos consanguíneos. La cuantificación de la RD se realizó para cada línea colocando grupos de 10 moscas en tubos de 30 ml que se expusieron a 0.5 g de sílica gel que ofició de agente desecante (los sexos se analizaron por separado). Una esponja de polietileno se colocó entre las moscas y el agente desecante para evitar el contacto directo, sellándose los tubos con papel Parafilm. Por cada línea se analizaron 5 réplicas por sexo. Las moscas se mantuvieron a 25°C y se registraron las muertes cada 2 hs a partir de lo cual se calculó el LT 50 (tiempo transcurrido hasta la muerte del 50% de las moscas). Con los valores medios de la LT 50 por sexo, se realizó un análisis de asociación genotipo-fenotipo de genoma completo considerando 1453947 polimorfismos genéticos (SNPs e InDels) detectados en estas líneas. Además, se realizaron ensayos de verificación para un conjunto de genes candidatos detectados en el estudio de asociación. Para esto se utilizó un análisis de complementación empleando líneas mutadas por la inserción de un elemento transponible en el gen candidato cuyo fondo genético es homocigota y conocido, empleando el mismo protocolo experimental.

Resultados y Discusión: El 43.1% de la variabilidad fenotípica observada para la RD, puede explicarse por la variación genética ($p < 10^{-6}$) entre las líneas. El análisis permitió detectar un significativo dimorfismo sexual para el carácter ($p < 10^{-6}$) aunque la magnitud de las diferencias entre sexos no varió entre líneas, como lo indica la no significativa interacción línea-sexo. El estudio de asociación genotipo-fenotipo detectó 123 polimorfismos, 109 SNPs y 14 InDels, que afectan a 66 genes. El 53% de estos se encuentran en el cromosoma 2, 36.4% en el cromosoma 3 y 10.6% en el cromosoma X. Esta distribución de genes según su localización cromosómica no se diferenció significativamente de la esperada por azar ($p = 0.12$) tomando en cuenta las cantidades de genes localizados en los elementos cromosomas de *D. melanogaster*, sugiriendo que los genes que afectan la variación de DR se distribuyen al azar. Al realizar el análisis de enriquecimiento funcional, se detectó una sobrerrepresentación ($p < 3 \cdot 10^{-2}$) de genes relacionados con la morfogénesis de los tubos de Malpighi. Los resultados de las pruebas de complementación corroboraron que los genes *CG5561*, *CG44085*, *Stam*, *Piezo* y *Shack B* están, efectivamente, involucrados en la RD y, por lo tanto, son parte de la arquitectura genética de RD. Finalmente, al comparar nuestros resultados con estudios previos que analizaron otros caracteres de resistencia al estrés (a la falta de alimento, frío y calor) y el tamaño corporal no se detectaron correlaciones fenotípicas significativas. Asimismo, las comparaciones de los conjuntos de genes involucrados en los caracteres mencionados con los de la RD no mostraron genes en común sugiriendo la ausencia de genes pleiotrópicos en la arquitectura genética de estos caracteres.

Conclusiones: La base genética de la RD es poligénica y la arquitectura genética de este carácter sería independiente de otros caracteres asociados a la adaptación de las especies a condiciones restrictivas (estresantes) del ambiente.

ESTUDIO GENÓMICO Y MORFOLÓGICO DE CAUQUENES (AVES, *CHLOEPHAGA*) IMPLICANCIAS TAXONÓMICAS Y DE CONSERVACIÓN

C Kopuchian¹, L Campagna², AS Di Giacomo¹, RE Wilson³, M Bulgarella⁴, PF Petracci⁵, J Mazar-Barnett⁶, R Matus⁷, O Blank⁷, KG Mc Cracken⁸

¹ Centro de Ecología Aplicada del Litoral (CECOAL-CONICET), Corrientes, Argentina. ² Cornell Lab of Ornithology, 159 Sapsucker Woods Rd., Ithaca, NY (14850), USA. ³ University of Alaska Fairbanks, Fairbanks, Alaska 99775. ⁴ University of Minnesota, Department of Entomology, 1980 Folwell Ave., St. Paul, 55108, MN, USA. ⁵ Grupo GEKKO-Grupo de Estudios en Conservación y Manejo, Departamento Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur, San Juan 670, (8000) Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. ⁶ Aves Argentinas/Asociación Ornitológica del Plata, Buenos Aires, Argentina. ⁷ Centro de Rehabilitación Leñadura, Kilómetro 7 Sur, Punta Arenas, Chile. ⁸ University of Miami, Coral Gables, Florida 33146.

ckopuchian@gmail.com

Introducción: Las especies endémicas de islas ilustran la importancia del aislamiento geográfico en los procesos de especiación. Las Islas Malvinas, que constituyen el mayor archipiélago del Atlántico Sur, se encuentran aproximadamente a 450 km al este de Tierra del Fuego, y albergan especies endémicas que evolucionaron luego de que las poblaciones ancestrales quedaran aisladas durante las glaciaciones del Pleistoceno. Sin embargo, varias especies de aves presentan poblaciones continentales e insulares que no están genéticamente diferenciadas, lo que sugiere que el aislamiento geográfico podría no haber sido suficiente para reducir el flujo génico y permitir su diversificación. Existen dos especies de cauquenes (Aves: Anatidae), el Cauquén Común (*Chloephaga picta*) y el Cauquén Colorado (*Chloephaga rubidiceps*), ambas con poblaciones en las islas Malvinas y en la Patagonia, que muestran tendencias demográficas opuestas: mientras que las poblaciones insulares aumentan su tamaño, las poblaciones continentales están disminuyendo rápidamente, debido principalmente a causas antropogénicas. El objetivo de este trabajo es analizar si existen diferencias genéticas y morfológicas entre los individuos de estas poblaciones, con el fin de determinar si se trata de poblaciones que presentan o presentaron flujo génico entre sí, o si representan linajes que han evolucionado independientemente.

Materiales y Métodos: Se analizaron ejemplares de *C. picta* (n=27) y *C. rubidiceps* (n=15) provenientes del continente y de las Islas Malvinas. Utilizamos una aproximación de representación reducida del genoma (Rad-Seq) para cuantificar la diferenciación genética entre las poblaciones continentales e insulares de ambas especies, y realizamos análisis basados en coalescencia para modelar su demografía. Co-estimamos los tiempos de divergencia, tamaños poblacionales efectivos y flujo génico utilizando G-PhoCS (Generalized Phylogenetic Coalescent Sampler) versión 1.2.2. Se calculó el tiempo de divergencia entre las poblaciones asumiendo una tasa de mutación aproximada de 10^{-9} mutaciones por pb por generación (Kumar & Subramanian, 2002). Por otro lado, se compararon características morfométricas de individuos de estas poblaciones mediante análisis estadísticos.

Resultados y Discusión: Nuestros resultados muestran que las Islas Malvinas albergan linajes de *C. picta* y *C. rubidiceps* que han evolucionado independientemente, los cuales han divergido de su contraparte continental durante el Pleistoceno y desde entonces no han experimentado flujo génico. Además, hemos encontrado diferencias morfológicas entre estas poblaciones.

Conclusiones: La distancia que separa a las Islas Malvinas del continente ha sido suficiente para aislar las poblaciones de estas especies. Esto implica que si no se implementan medidas adecuadas de conservación, la drástica disminución de las poblaciones continentales de *C. rubidiceps*, en particular, que muestra características morfológicas, ecológicas y comportamentales propias, podría llevar a la extinción a un taxón evolutivamente independiente.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por PR Kellogg Jr Memorial Fund otorgado por NeotropicalGrasslandConservancy, the Systematics Research Fund otorgado por Systematics Association y the Linnean Society of London, ANPCyT Argentina (PICT 2014-2057) y Aves Argentinas.

CAMBIOS GENÓMICOS DURANTE LOS PROCESOS DE POLIPLOIDIZACIÓN E HIBRIDACIÓN EN *Arachis*Paredes EN^{1,2}, AV García², VG Solis Neffa^{1,2}, GA Robledo Dobladez^{1,2}¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste. ²Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). esnaparedes@gmail.com

Introducción: La evolución genómica sucede a través de un amplio rango de procesos. La poliploidía y la hibridación constituyen unos de los más comunes en plantas superiores, y los que tienen efectos inmediatos sobre la organización de los genomas. Numerosos estudios han puesto de manifiesto la existencia de estos cambios en diversos híbridos y poliploides naturales. Sin embargo la magnitud de los cambios durante estos procesos aún permanece poco estudiada. Debido a esto, en este trabajo se propone analizar los cambios en los perfiles de AFLP de diploides, híbridos y poliploides de la sección *Arachis* a fin de evaluar el grado de diferenciación genómica que ocurre en respuesta a la hibridación y/o la poliploidización.

Materiales y Métodos: Este estudio se enfocó en el análisis de los perfiles AFLP de dos sistemas. Uno, "sistema natural", conformado por los alotetraploides espontáneos *A. hypogaea* (maní) y *A. monticola* (genoma AABB), y sus parentales diploides *A. ipaënsis* (genoma BB) y *A. duranensis* (genoma AA). Como representantes de los alotetraploides espontáneos se utilizaron a las subespecies de *A. hypogaea subsp. hypogaea var. hypogaea* y *subsp. fastigiata var. fastigiata*, y una accesión correspondiente al alotetraploide silvestre *A. monticola*. El análisis comparativo de los perfiles de los alotetraploides y los diploides permitió establecer los cambios genómicos ocurridos como resultado del proceso de alotetraploidización, mientras que la comparación de los perfiles del alotetraploide silvestre y los del cultivado, los cambios ocurridos como resultado del proceso de domesticación del maní. El segundo, "sistema sintético", está conformado por los "híbrido 38" e "híbrido 60" provenientes de cruzamientos interespecíficos entre *A. duranensis* x *A. ipaënsis*. El análisis de este sistema permitió establecer los cambios genómicos ocurridos como resultado del proceso de hibridación. A modo comparativo se analizaron dos combinaciones diferentes de ADN de las especies *A. duranensis* x *A. ipaënsis*, combinación "C1" y "C2", a fin de obtener los perfiles resultantes de la interacción de los genomas sin el efecto de los procesos de hibridación.

Resultados y Discusión: El análisis de los perfiles de AFLP permitió detectar 432 *loci* totales, de los cuales 355 (82,17%) se revelaron como polimórficos y, de estos, entre 199 a 205 *loci* fueron detectados en cada especie. En el sistema natural, el análisis comparativo de los perfiles de los tetraploides permitió revelar 264 *loci* totales, de los cuales 128 son compartidos por las tres especies; mientras que 32 *loci* son exclusivos de *A. monticola* y 21 son exclusivos de *A. hypogaea*. Cuando se compararon los perfiles de las especies tetraploides con los diploides se detectaron 62 *loci* compartidos entre los tetraploides y los dos parentales, 41 compartidos sólo con *A. ipaënsis* y 12 sólo con *A. duranensis*; mientras que 14 *loci* son exclusivos de *A. ipaënsis* y 33 de *A. duranensis*. Cuando se analizó la ganancia/perdida de los *loci* con los resultados de los perfiles de las combinaciones C1 y C2, se determinó que como resultado de los cambios genómicos durante el proceso de poliploidización 9 *loci* se ganan en las especies tetraploides; mientras que 13 *loci* compartidos por ambos parentales, 3 *loci* exclusivos de *A. ipaënsis* y 21 exclusivos de *A. duranensis* se pierden. En el sistema sintético, el análisis de los perfiles de los híbridos 38 y 60 permitió detectar 229 *loci* totales, de los cuales 155 están compartidos por ambos. Al comparar sus perfiles con los diploides, se detectó que 50 *loci* compartidos entre los híbridos y los dos parentales, 75 compartidos sólo con *A. ipaënsis* y 23 sólo con *A. duranensis*; mientras que 7 *loci* son exclusivos de los híbridos, 91 son exclusivos de las especies diploides, 26 de *A. ipaënsis* y 46 de *A. duranensis*. Cuando se analizó la ganancia/perdida de los *loci* con los resultados de los perfiles de las combinaciones C1 y C2, se determinó que como resultado de los cambios genómicos durante el proceso de hibridación 5 *loci* se ganan en los híbridos; mientras que 11 *loci* compartidos por ambos parentales, 15 *loci* exclusivos de *A. ipaënsis* y 10 *loci* exclusivos de *A. duranensis* se pierden. Así, en este estudio se han detectado 46 y 41 posibles cambios genómicos como resultado del proceso de la poliploidización e hibridación respectivamente.

Conclusión: Los resultados preliminares de este trabajo sugieren que la hibridación y la poliploidización tienen un efecto similar en la generación de cambios genómicos en las especies de *Arachis*. Pero que, mientras que los cambios genómicos ocurridos por el efecto de la hibridación afectan en igual medida a los genomas de ambas especies diploides, los efectos de la poliploidización son mayores en el genoma de *A. duranensis*.

Agradecimientos: EN Paredes y A García son becarios doctorales CONICET. VG Solis Neffa y GA Robledo Dobladez son investigadores del CONICET. Este estudio es financiado con fondos de los proyectos PICTO-UNNE 2011 N°0260 (ANPCyT y UNNE), PICT 2012 N°1812 (ANPCyT), PIP-CONICET 2012, PI. P005-2014. SGCyT, UNNE.

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y DE ARQUITECTURA GENÉTICA EN TRES POBLACIONES DE *Drosophila melanogaster*

MA Petino Zappala^{1,2}, VE Ortiz^{1,2}, JJ Fanara^{1,2}

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA. ²IEGEB-CONICET, FCEN, UBA.

Introducción: El tiempo que un organismo tarda en completar los estadios inmaduros se denomina Tiempo de Desarrollo (TD) y es de importancia adaptativa en especies que utilizan recursos efímeros, como *Drosophila melanogaster*. Este carácter se encuentra asociado a otros componentes del *fitness*, como la viabilidad preadulto o el comportamiento durante los estadios larvales, que estudiaremos a través de la Altura de formación de Pupas (AP). En este trabajo intentaremos caracterizar la variabilidad fenotípica y la arquitectura genética de caracteres del TD, viabilidad (V) y AP en líneas derivadas de tres poblaciones naturales para determinar qué factores condicionan la evolución del mapa genotipo-fenotipo.

Materiales y Métodos: Se utilizaron 39 líneas del Drosophila Genome Reference Panel (DGRP) provenientes de la localidad de Raleigh (Carolina del Norte), EEUU; 34 líneas provenientes de Lavelle (Mendoza), ambas poblaciones se ubican a baja altitud, y 34 líneas derivadas de Uspallata (Mendoza) que se encuentra a una mayor altitud. Todas las líneas fueron fenotipadas para los caracteres de TD Larval (TDL), TD Pupal (TDP), V Larval (VL), V Pupal (VP) y AP a dos temperaturas (17°C y 25°C). Para cada combinación de Línea x Temperatura se utilizaron 5 réplicas, correspondientes a tubos en los que se sembraron 30 larvas de estadio 1 sobre un medio de polenta. La información de los fenotipos se obtuvo mediante el registro del tiempo de aparición de las pupas y de emergencia de los adultos y midiendo la altura de formación de las pupas respecto al medio; para todas las variables se calculó un promedio por tubo (réplica). Con la información del fenotipo a ambas temperaturas se calcularon valores de plasticidad por línea para todos los caracteres. También se estimó el grado de canalización microambiental para todos los caracteres por medio del cálculo de Coeficientes de Variación Ambiental (CVA, cociente del desvío estándar entre réplicas y la media por línea). Las medias por línea se analizaron mediante ANOVAs con factores fijos Población y Temperatura de forma de detectar si existen para los caracteres medidos diferencias entre poblaciones y si éstas responden paralelamente a la temperatura. También se realizaron Análisis Discriminantes para todas las variables con el objetivo de determinar si existen diferencias fenotípicas globales entre poblaciones y si éstas pueden deberse a la ausencia de flujo génico o a un efecto de las condiciones climatológicas de la población de origen. Finalmente, con las medias por réplica se analizaron dentro de cada población las correlaciones entre caracteres y también las fuentes de variación que aportan a la variabilidad fenotípica por medio de ANOVAs con factores Línea (aleatorio) y Temperatura (fijo), con la intención de determinar si existen cambios en la arquitectura genética de los caracteres entre poblaciones.

Resultados y Discusión: Para todas las variables de medias se detectaron interacciones Población x Temperatura significativas ($p < 0.001$, las poblaciones no responden igual ante los cambios térmicos) y a ambas temperaturas hubo diferencias entre poblaciones para todos los caracteres ($p < 0.05$), excepto para TDL a 25°C. Para los CVAs de todas las variables hubo diferencias significativas entre poblaciones. Los patrones obtenidos, especialmente para el grado de canalización de los caracteres, parecen indicar un efecto de adaptación a las condiciones climatológicas de origen. Los Análisis Discriminantes demuestran que las tres poblaciones se diferencian por las medias de los caracteres medidos ($p < 0.001$) y que los CVAs separan a la población de altura de las otras dos ($p < 0.05$). Para las tres poblaciones se detectó un alto componente genético dentro de la variabilidad observada en las medias: al menos el 40% puede deberse a la suma de los factores Línea y Línea x Temperatura. El peso de estas fuentes de variación es diferente en las tres poblaciones, así como los patrones de correlación entre caracteres (incluyendo las relaciones entre TDL y TDP), sugiriendo cambios en la arquitectura genética subyacente.

Conclusiones: La arquitectura genética de los caracteres del desarrollo puede variar en función de variables climatológicas a las que una población se encuentra adaptada. Estos cambios pueden favorecer la canalización de los fenotipos a la temperatura de adaptación, alterar las relaciones entre caracteres e incluso generar efectos

INFERENCIAS SOBRE LA EVOLUCIÓN DE LA HETEROCROMATINA PERICENTROMÉRICA EN *Arachis*SS Samoluk^{1,2}, LMI Chalup², GA Robledo Dobladez^{1,2}, G Seijo^{1,2}

¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste; ² Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Corrientes. samocarp@hotmail.com

Introducción: Las regiones heterocromáticas de los genomas eucariotas están compuestas principalmente por diferentes familias de ADN satélite (ADNsat). Usualmente, estas secuencias muestran una elevada dinámica evolutiva que conduce a perfiles específicos de especie, aún entre especies estrechamente relacionadas. Las especies diploides $2n=2x=20$ incluidas en la sección *Arachis* (género *Arachis*) fueron asignadas a seis genomas diferentes (A, B, D, F and K), cuya diferencia cariotípica más notable es la cantidad y distribución de la heterocromatina pericentromérica DAPI⁺. En este grupo, la familia de ADN satélite ATR-2 es el componente principal de la heterocromatina pericentromérica de las especies con genomas A, F y K, pero no de aquellas con genomas D y B. Con el objetivo de inferir los cambios en la composición de estas regiones cromosómicas ocurridos durante la diferenciación genómica, en este trabajo se realiza la caracterización de la familia de ADNsat más abundante en el genoma de *A. glandulifera* (genoma D), y se analiza su distribución cromosómica en las especies diploides *A. glandulifera*, *A. duranensis* (genoma A) y *A. ipaënsis* (genoma B).

Materiales y Métodos: A partir de la secuenciación una biblioteca de ADN genómico de *A. glandulifera* KSSc30099 (Illumina MiSeq) se realizó la identificación *de novo* de secuencias de ADNsat utilizando el programa RepeatExplorer. El análisis de la distribución de las secuencias caracterizadas sobre metafases mitóticas de las especies *A. glandulifera*, *A. duranensis* y *A. ipaënsis* se realizó mediante hibridación *in situ* fluorescente (FISH).

Resultados y Discusión Se identificaron tres familias de ADNsat en el genoma de *A. glandulifera*: Agla_CL8sat, Agla_CL39sat y Agla_CL69sat. De las tres familias, la primera fue la más representada abarcando aproximadamente el 2,5% del genoma. Las familias restantes mostraron una abundancia muy baja y, por tanto, no fueron incluidas en los análisis posteriores. La comparación de la secuencia consenso de la familia Agla_CL8sat con secuencias depositadas en bases de datos públicas reveló un 75% de identidad con miembros de la familia ATR-2. Experimentos de FISH revelaron que Agla_CL8sat se distribuye en la mayoría de las bandas heterocromáticas DAPI⁺ de *A. glandulifera* (6 pares de bandas), mientras que por el contrario en sólo dos pares de bandas pequeñas en *A. ipaënsis* y en ninguna de *A. duranensis*. A través de la combinación del análisis bioinformático y experimentos de FISH se logró identificar la familia de ADNsat más abundante en el genoma de *A. glandulifera*, la cual sería el componente principal de la heterocromatina pericentromérica del genoma D, pero no de los genomas A y B. El análisis de identidad evidenció que si bien Agla_CL8sat y ATR-2 pertenecen a la misma superfamilia, son miembros de diferentes familias de ADNsat. El conjunto de resultados obtenidos sugiere que la evolución de la heterocromatina pericentromérica en los diferentes genomas habría implicado cambios en los perfiles de de diferentes familias de ADNsat. Por lo tanto, la mera presencia de heterocromatina pericentromérica DAPI⁺ en estos genomas no puede ser concebida como un carácter homólogo y que, para ser considerada como tal entre taxones más o menos distantes, se requiere información acerca de las secuencias que la componen.

Agradecimientos: Agradecemos la colaboración de los Dres. Scott Jackson y David Bertoli del "Center of Applied Genetic Technologies, University of Georgia (Athens, Georgia- USA)".



II RABE 2017

COMUNICACIONES LIBRES

“DOCENCIA”

ENSEÑANZA Y APRENDIZAJE DE LA DIVERSIDAD VEGETAL EN LA UNIVERSIDAD: ANÁLISIS DE UNA PROPUESTA DIDÁCTICA BASADA EN LA CONSTRUCCIÓN Y PROBLEMATIZACIÓN DEL CONOCIMIENTO

LD Amarilla, C Torres, L Galetto

Cátedra de Diversidad Biológica III, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (UNC-CONICET). amarillaleonardo@conicet.gov.ar

Introducción: la Cátedra de Diversidad Biológica III desarrolla sus actividades docentes con un enfoque constructivista promoviendo que el alumno se mantenga activo en la actualización y construcción del conocimiento (marco pedagógico-didáctico denominado "aprendizaje basado en la resolución de problemas" y "enseñanza-aprendizaje por investigación"). En una actividad transversal a los contenidos teóricos y prácticos, a la vez que se analizan, identifican y clasifican materiales vegetales (coleccionados por alumnos y docentes), se proponen herramientas para definir y reconocer caracteres -y sus estados- morfológicos adecuados para la construcción de hipótesis filogenéticas y para proponer sistemas de ordenamiento con base evolutiva. Esta estrategia didáctica permite que los alumnos i- reflexionen sobre los principios de organización básica de las estructuras morfológicas relevantes para la sistemática filogenética, al analizar homologías y analogías; ii- conozcan cómo se construye un sistema de clasificación diferenciando la base conceptual y metodológica que utiliza la sistemática filogenética para proponer esquemas de clasificación; iii- analicen el sistema de clasificación filogenético en relación a la historia evolutiva de las plantas y iv- reconozcan el carácter dinámico de las clasificaciones, entendiendo que son hipótesis sobre las relaciones filogenéticas entre los taxones considerados. A la par, este ejercicio promueve el pensamiento crítico, fomenta el debate y la argumentación, y promueve la resolución de problemas a través de la aplicación criteriosa de herramientas informáticas.

Metodología: La actividad incluye el desarrollo, construcción y crítica reflexiva de conceptos y metodologías (homología, caracteres y sus estados, principio de máxima parsimonia, etc.). Se identifican materiales botánicos de distintas familias a través de definir, esquematizar y seleccionar caracteres distintivos. Luego, los alumnos construyen una matriz con datos morfológicos y reconstruyen hipótesis filogenéticas con un programa de cómputos particular y finalmente optimizan estados de carácter sinapomórficos y autapomórficos. Para la evaluación del proceso de aprendizaje se solicita la presentación de un informe individual que incluya una explicación acerca de los criterios de selección de i- los caracteres y sus estados; ii- el/los método/s de codificación, iii- la elección el grupo externo (*outgroup*) y iv- una descripción, interpretación y discusión de los resultados obtenidos; detallando los grupos monofiléticos y los estados de carácter que resultaron sinapomórficos y autapomórficos. Al evaluar la actividad se ponderan las actitudes proactivas para la lectura de bibliografía actualizada y la problematización continua sobre la selección de estados de carácter y construcción de la matriz de datos, y el desarrollo y ejercicio del pensamiento crítico sobre las bases conceptuales y metodológicas de la sistemática filogenética. Para valorar la percepción de los alumnos sobre esta propuesta, se realizaron encuestas semi-estructuradas (150 casos) al final de dos ciclos lectivos (2015 y 2016), indagando por ejemplo, sobre el nivel de logro de los objetivos propuestos, la claridad en el desarrollo de contenidos y la organización de la asignatura en relación a esta actividad.

Resultados y Conclusiones: el 80% de los alumnos consideró que pudieron participar activamente en la búsqueda y síntesis de la información y gestionar por sí mismos el conocimiento sobre la diversidad vegetal. El 92% consideró que la propuesta fue dinámica y constructiva. El 75% expresó que adquirieron capacidades para resolver problemas, discutir conceptos y para analizar críticamente la información, las teorías y las metodologías que permiten la clasificación con base evolutiva de las plantas. El 80% consideró que la organización de la asignatura en relación a esta actividad resultó coherente y armónica. Los autores de esta propuesta consideran que el desarrollo de esta actividad promovió el pensamiento crítico sobre la adquisición del conocimiento a partir del desarrollo de habilidades para la búsqueda, análisis y discusión de la información. Además, permitió que el alumno se capacite y entrene en la resolución de problemas y experimente cómo se desarrolla la investigación científica en el campo de la sistemática filogenética. Agradecimientos: a los docentes de la Cátedra por la ayuda en la distribución de las encuestas y a los alumnos, por su entusiasmo y colaboración en implementar y evaluar esta nueva propuesta didáctica.

Agradecimientos: A la Secretaría de Ciencia y Tecnología de la Universidad Nacional de Córdoba por el financiamiento otorgado.

GÉNERO Y EVOLUCIÓN: DISPUTANDO JUSTIFICACIONES EVOLUTIVAS DE LA VIOLENCIAMA Cruz^{1,2}, E Vilatta^{1,2,3}, B Guzmán^{1,2. 1}

1. Facultad de Psicología, Universidad Nacional de Córdoba. 2. Centro de investigaciones Facultad de Filosofía y Humanidades. 3. IDH-CONICET. marianacruz@gmail.com

Introducción: Desde 1859, con la teoría darwiniana de la evolución se instala una perspectiva de análisis "naturalista" de las conductas humanas. La misma ha resultado ser muy fructífera y valedera en muchos sentidos (posibilitando el distanciamiento de pensamientos teístas y antropocéntricos). Pese a ello ha servido también para naturalizar modos culturales -como los vinculados con el patriarcado y el machismo imperantes en nuestra sociedad y con mayor peso aún en la Inglaterra victoriana del siglo XIX-, presentándolos como naturales e indiscutibles.

Materiales y Métodos: En este trabajo nos centraremos en el análisis de un libro como caso ejemplificador de la actualidad de ciertos discursos que, situándose en el marco de la teoría de la evolución, pretenden legitimar prácticas y discursos violentos, apelando a ciertas características biológicas que otorgarían un supuesto carácter "natural" a los mismos. En particular, nos referiremos al libro "*El sexo salvaje*" (2016) de Ricardo Cabrera, publicado por la editorial universitaria Eudeba, el cual pone de relieve la necesidad de darle todavía atención y batalla, especialmente en el ámbito educativo, a este tipo de discursos. En su texto, con propósitos de divulgación científica, Cabrera asume lo que denomina la lógica darwiniana o adaptativa, presentada en términos de una ciencia "tan exacta como la matemática", que nos permitiría explicar lo que usualmente creemos que se debe a "lo cultural, la educación y el libre albedrío", por medio de la "lógica darwiniana" centrada en las estrategias de la naturaleza para la supervivencia de grupos genéticos.

Resultados y Discusión: El texto parece buscar en eso que denomina la "lógica darwiniana" la legitimación de formas de la cultura machista y patriarcal, como la violencia de género, la discriminación, la violación, la sumisión femenina y explicaciones simplistas sino absurdas sobre la homosexualidad, entre otras. Una de las herramientas principales de su argumentación es la legitimación de formas culturales investidas de presunta naturaleza y distinguidas nítidamente en el texto bajo la dicotomía clásica natura-nurtura pese a lo ya cuestionado por biólogos y feministas como Lewontin, Rose and Rose, Fox Keller, Fausto Sterling, etc. Ante esto cabe preguntarse cuál es el sentido de este tipo de textos de divulgación, frente a lo cual consideramos que ejerce una función *normalizadora* (y *naturalizadora*) de la violencia apoyándose en un deficiente discurso de pretensión científica.

Conclusiones: Mediante la afirmación de una posición biologicista, el texto escrito por un Secretario y divulgador de la UBA, con formación científica, promueve mediante la afirmación de una posición biologicista, discursos que favorecen la violencia de género y frente a los cuales resulta imperiosa la necesidad de asumir su confrontación, especialmente en el ámbito educativo, donde este tipo de perspectivas no pueden ser presentadas y validadas como *la* perspectiva en sí de la ciencia biológica en general, ni de la evolución en particular. Resta el desafío de mostrar no sólo sus falencias, sino versiones alternativas, tanto científica como ideológicamente hablando.



II RABE 2017

COMUNICACIONES LIBRES

“TEORÍA EVOLUTIVA Y FILOSOFÍA DEL PENSAMIENTO CIENTÍFICO”

EL DOBLE ROL DE LOS MECANISMOS DE LA EVO-DEVO Y LA SÍNTESIS EVOLUTIVA EXTENDIDA

NJ Lavagnino^{1,2}, G Folguera¹

¹Grupo de Filosofía de la Biología, Área de Historia y Filosofía de las Ciencias "Gregorio Klimovsky", Fac. de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires – CONICET, Buenos Aires, Argentina. ²Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Fac. de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Argentina. IEGEBA-CONICET, Fac. de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

nlavagnino@gmail.com

La distinción entre mecanismos que generan variación biológica (*Mgs*) y mecanismos que la modifican (*Mms*) ha sido importante en la biología contemporánea, sobre todo desde el establecimiento de la síntesis evolutiva (SE) en la primera parte del siglo XX. En el contexto de la SE es la genética clásica la que propone un conjunto de *Mgs*, llamados "mutaciones en sentido amplio", y que incluye a la mutación, recombinación, macro-delecciones, duplicaciones, inversiones, hibridación, etc. Mientras que es la genética de las poblaciones el área de conocimiento que principalmente generó los modelos para describir la acción de mecanismos que modifican la variación: selección natural, mutación, flujo genético y deriva genética. Por supuesto que esta clasificación dicotómica entre *Mgs* y *Mms* ha mostrado numerosas excepciones, por ejemplo el mecanismo de mutación presenta un doble rol en la medida en que a bajas tasas de mutación actúa solamente como un *Mg*, mientras que en situaciones con altas tasas de mutación actúa también como un *Mm*. Vale la pena mencionar que en la SE, y en su legado a la biología evolutiva por venir, el foco estuvo mayormente puesto en los mecanismos que modifican la variación biológica. En este sentido, Amundson plantea, en su libro del año 2005 *The Changing Role of the Embryo in Evolutionary Thought. Roots of Evo-Devo*, que: "cuando los teóricos de la Síntesis hablan de 'mecanismos evolutivos', se refieren a procesos genético poblacionales, que usualmente implican selección (aunque posiblemente deriva u otros parámetros)" (p. 167). En las últimas décadas se han generado intentos de diferentes extensiones de la SE, tal como en el caso de la aparición de la biología evolutiva del desarrollo (evo-devo). La extensión dada por la evo-devo toma muchas formas, pero dado que en evo-devo tiene lugar una integración entre diferentes áreas de la biología, ésta presenta también diferentes tipos de mecanismos; y por la tanto es plausible preguntarse sobre qué tipo de rol estarían cumpliendo dichos mecanismos. Particularmente para entender los mecanismos propuestos desde la evo-devo, y su relación con la SE, analizamos en este trabajo el papel que desempeñan con respecto a la variación biológica; siendo la pregunta principal en nuestro análisis: ¿los mecanismos de la evo-devo tienen una función de generadores (*Mgs*) y/o modificadores (*Mms*) de la variación biológica? El recorrido del análisis consistió en una primera instancia en generar criterios para reconocer cuándo un mecanismo actúa como *Mm* o como *Mg*. Cabe señalar que en todo nuestro recorrido hemos seguido la visión canónica de la SE al asumir la distinción entre mecanismos. La justificación de ello es que, por un lado, el grueso de las investigaciones que se realizan en la actualidad continúan reproduciéndola; a la vez que sostenemos que dicha distinción, más allá de los cuestionamientos que recibe muestra aún ciertas virtudes heurísticas. Por ello, más que aventurar definiciones ampliadas de los mecanismos correspondientes, hemos elegido la estrategia de determinar en qué circunstancias un mecanismo actúa como un *Mm* y/o *Mg*. Proponemos que un mecanismo cualquiera actúa como *Mm* cuando produce un *hecho evolutivo*, y que para que éste suceda la acción del mecanismo en cuestión tiene que producir un fenómeno biológico que cumpla los criterios de número mínimo, repetibilidad y sesgo. Luego, si un mecanismo no cumple con estos tres criterios de manera simultánea entonces se considera que actúa como un *Mg*. Posteriormente analizamos, utilizando dicha estrategia, el caso de los mecanismos de la evo-devo inducción ambiental, hipervariabilidad / selección somática y sesgo evolutivo. Esto nos permitió establecer si los mecanismos de la evo-devo analizados actúan como *Mms* y/o *Mgs*. Nuestro análisis muestra una caracterización diferente para cada mecanismo de evo-devo en términos de su relación con la variación biológica. La inducción ambiental se presenta como el único mecanismo de evo-devo entre los analizados que parece tener un doble papel de actuar como *Mm* y/o *Mg*, mientras que la hipervariabilidad / selección somática solamente actúa como *Mg* y el sesgo de desarrollo es únicamente un *Mm*. Considerando los tres mecanismos de evo-devo indagados en conjunto, no parece haber un rol más relevante, lo que sería el caso si todos los mecanismos de evo-devo se caracterizan como *Mm* o *Mg*. Esto representa una diferenciación con respecto a ES, donde aunque los mecanismos son reconocidos en ambas categorías, es bastante directo reconocer que en la SE los mecanismos más relevantes sean los que modifican o impulsan la variación, principalmente la selección natural. En conclusión, a través del análisis teórico de los mecanismos de evo-devo hemos clarificado el tipo de aporte que se está haciendo en la extensión de la síntesis, principalmente una heterogeneidad antes no encontrada en la acción de los mecanismos con respecto a la variación biológica. También entendemos que el análisis que hemos realizado presenta solamente una de las muchas formas posibles en las que evo-devo está expandiendo y cambiando la SE.

EL PENSAMIENTO EVOLUCIONISTA ENTRE EL MECANICISMO DE DESCARTES Y EL ORGANICISMO DE MARGULIS

JM Bajo¹

¹Cátedra de Antropología Biológica y Cultural de la Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales de la Universidad Nacional de Córdoba. juanmabajo@gmail.com

Se acepta actualmente que la biología es una ciencia que ha superado los paradigmas mecanicistas de la física clásica mediante una visión organicista y holística. Sin embargo, esta visión defendida con fuerza por biólogos de la talla de E. Mayr, S.J. Gould, R. Lewontin y L. Margulis aún encuentra ciertas resistencias e incompreensión en nuestro medio. Esto puede deberse, entre otras cosas, a la consideración que aún se tiene del mecanicismo y del método analítico en las ciencias en general. Esta consideración no obedece a razón científica alguna, más bien tiene que ver con los límites que imponen ideas conservadoras y hegemónicas subordinadas aún a la sociedad capitalista y su modo de producción. En este trabajo partimos de reconocer que el desarrollo científico encuentra sus límites en la formación histórica, económica, y social que lo contiene, especialmente las relaciones y métodos de producción. En otras palabras, las revoluciones científicas ocurren más por las necesidades estructurales de una sociedad que por la fuerza interna de las propias ideas o el grado de consenso que se alcance en la comunidad científica. La revolución científica gestada en el Renacimiento y consumada en el inicio de la Modernidad y que tuvo por representantes claves a Galileo, Descartes, Leibniz y Newton, pudo ocurrir gracias al desarrollo del capitalismo, primero en su etapa manufacturera y luego con el desarrollo de la gran industria. Ella nos legó, entre otras cosas, la separación entre sujeto y objeto de investigación, el lenguaje y la idealización matemática, un universo uniforme, un tiempo lineal, y el método analítico. Todo este proceso llevo a la entronización de la física clásica, determinista y basada en el análisis de las relaciones causa efecto, como modelo universal. Las ciencias biológicas en sus comienzos se beneficiaron de esto. Sin embargo, para alcanzar la madurez e independencia científica debieron superar esos paradigmas proponiendo otros más holísticos, probabilísticos y organicistas. La visión holística la aportó inicialmente A. Humboldt; y el paradigma organicista quedo establecido a partir de las relaciones entre la *Naturphilosophie* y el idealismo Hegeliano. La teoría de evolución Lamarckiana si bien tuvo el mérito de ser la primera y enmarcarse en una concepción holística no logro romper totalmente con la metafísica, esta recién sucederá 50 años después con la publicación del *Origen de las especies*. A partir de Darwin la biología alcanzó no solo madurez conceptual, sino también una explicación totalmente materialista y dialéctica de la naturaleza que nos rodea. Pese a todos estos avances, todavía a comienzos del s. XXI podemos observar como el mecanicismo en su visión reduccionista gobierna aún buena parte de la investigación y de los modelos explicativos en biología. Pensamos, que esto se debe más a los límites que pone aún la sociedad capitalista y su pensamiento hegemónico que a razones internas del propio desarrollo de las ciencias biológicas y teorías de evolución. Las últimas publicaciones de Mayr y Margulis nos sugieren correctamente, a nuestro entender, retomar el vínculo entre ciencia y filosofía, sobre bases materialistas no reduccionistas.

COMPARACION DEL DESEMPEÑO DE PARSIMONIA DE PESOS IGUALES Y DE PESOS IMPLICADOS MEDIANTE MATRICES MORFOLOGICAS SIMULADAS

OER Lehmann¹

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Ciencias Geológicas.
Email: lehmannxii@gmail.com

Introducción: Una hipótesis filogenética confiable es la base de gran cantidad de estudios macroevolutivos, desde el cálculo de tasas evolutivas para caracteres hasta la puesta a prueba de distintos modelos evolutivos. Parsimonia de pesos iguales y la variante de pesos implicados son los métodos más utilizados para producir hipótesis filogenéticas a partir de datos morfológicos, que son la fuente casi exclusiva de información para la paleontología. Una publicación reciente generó 100 matrices simuladas de 55 caracteres a partir de una única topología inicial y comparó los resultados de ambos métodos con la topología de partida. Sus resultados sugieren que pesos implicados tiende a producir resoluciones aparentemente aleatorias para las politomías que suelen obtenerse bajo de pesos iguales y, en general, ambos métodos fallan en recuperar la topología utilizada como base. Dada la ubicuidad de ambos métodos, especialmente en el contexto paleontológico, estos resultados requieren un análisis más detallado con el fin de reconocer su desempeño bajo un conjunto de condiciones más amplio.

Materiales y Métodos: Este trabajo presenta los resultados preliminares de un estudio basado en 21600 matrices simuladas a partir de 18 topologías iniciales, abarcando seis niveles de número de terminales (9–65), seis de número de caracteres (25–350) y tres de balance de topología a partir del índice de Colless. Los caracteres fueron generados siguiendo un modelo de evolución para caracteres morfológicos discretos binarios. Cada una de estas matrices fue analizada mediante parsimonia de pesos iguales y con pesos implicados utilizando valores de k de 1, 3, 5 y 10. Las topologías obtenidas en cada búsqueda fueron utilizadas para generar un consenso estricto y estos fueron comparados entre sí mediante la distancia de Robinson & Foulds a la topología inicial correspondiente y mediante la cantidad de nodos verdaderos y falsos recuperados en cada caso.

Resultados y Discusión: El estudio muestra que las observaciones previas son verdaderas sólo al considerar escasos caracteres (50 o menos), mientras que un gradiente de resultados progresivamente mejores prevalece al aumentar su cantidad. Para matrices pequeñas (menos de 50–100 caracteres en los casos estudiados), pesos iguales parece proveer mejores resultados que pesos implicados, pero ambos métodos rara vez recuperan la topología inicial. El agregado de caracteres mejora la precisión para ambos métodos, aunque la mejora por carácter agregado es mayor en pesos implicados que en pesos iguales. Esto genera la obtención de resultados más precisos bajo pesos implicados cuando el número de caracteres es grande (200 o más caracteres en los casos estudiados). Los análisis de pesos implicados utilizando $k = 1$ obtuvieron los peores resultados, posiblemente debido a la virtual supresión de caracteres homoplásicos al atribuirles pesos muy pequeños. De todas formas, no se recupera una relación directa entre el valor de k y la precisión obtenida. Cada matriz parece exhibir un comportamiento idiosincrático frente al valor de la constante de concavidad. Estos resultados muestran que al menos bajo condiciones de plena información ambos métodos logran recuperar las topologías correctas para rangos de número de caracteres y de taxones empleados en importantes matrices paleontológicas.

Conclusiones: 1. El desempeño de parsimonia de pesos iguales y pesos implicados presenta un escenario más complejo que lo planteado en trabajos anteriores.

2. Ambos métodos logran recuperar frecuentemente la topología verdadera para rangos de número de caracteres y de terminales utilizados en importantes matrices paleontológicas, bajo condiciones de información completa.

3. Se recomienda evitar valores extremadamente bajos de k (menores a 3), dado que tienden a producir peores resultados que al utilizar valores mayores.

Agradecimientos: Se agradece la discusión y colaboración de GALV y SDT para un primer prototipo de este proyecto y a MR por comentarios útiles sobre el mismo.

INDICE DE AUTORES

A		Carreira VP	35, 50, 66	Fragozo-Martinez I	24
Abdala F	51, 52	Castello LV	67	Franceschini MC	62
Acosta MC	19, 31, 79	Castillo ER	27	Franchini LF	83
Aguilar DL	19, 31, 32	Castro Félix LP	53	Frassoni J	19
Aizen MA	75	Castro-Urgal R		Fresia P	64
Albanesi GL	44	Ceccarelli S	72	Funes G	32
Alercia D	19, 32	Centurión L	39	Furnus G	28
Almirón NEA	20, 80	Chalup LMI	34, 40, 87		
Amarilla LD	33, 90	Chiarini F	19	G	
Amavet PS	37	Cocucci AA	55	Gadsden H	53
Angulo MB	34	Collins PA	61	Galetto L	33, 90
Anton AM	33	Contreras SA	41	Gallego OF	39
		Cosacov A	19, 31, 32, 38, 70, 71, 76, 79	García AV	86
B		Coulleri JP	36, 42	García E	28
Bajo JM	94	Crespo JE	46	García MM	54
Baranzelli M	19, 70	Cruz MA	91	García Enríquez JM	53
Barbarich F	35	D		Gess R	51
Barboza GE	55	D'Amato MR	43	Giorgis M	19, 32
Barboza MC	16	Da Rosa F	29	Giri F	61
Basso NG	37	Daza JD	52	Goenaga J	84
Barrios Calathaki H	39	Della Costa GM	44	Guzmán B	91
Bauer AM	52	Dematteis M	34	H	
Benavidez A	78	Diaz DG	45	Harder LD	75
Benitez-Vieyra S	11, 23, 24, 54	Díaz Cárdenas B	53	Hasson E	46, 49, 84
Bernardis A	62	Di Giacomo AS	85	Hurtado JP	49
Blank O	85	Divito F	46	I	
Bolzán AD	29	E		Ibañez AC	55
Bonifacio A	11	Espíndola A	71	Iglesias MR	70
Bouzas SO	35	Estigarribia L	11	Iglesias PP	74
Brea M	15, 68	F		Ignazi G	56
Brem MC	36, 42	Fabrezi M	8	Imberti M	59
Bucci SJ	56	Fanara JJ	50, 59, 66, 69, 84, 87	Irigoyen Bordarampé G	57
Bulgarella M	84	Farco GE	47	Iriondo MH	7
Buschiazzo LM	29	Fasanelli MN	48	Issaly A	11
		Fenocchio AS	28	J	
Burella PM	37	Fernández GP	21	Jacobi VG	57
C		Fernandez PC	57	Jiménez V	39
Cabral-de-Mello DC	27	Fernández SA	81	Johnson L	70
Cabrera JM	61	Fernandez	49		
Caeiro L	33	Goya L		Juri G	58
Caffetti J	28	Ferrero BS	14		
Campagna L	85	Ferrucci MS	36, 42	K	
Campo DH	43	Flaibani N	50, 59	Kopuchian C	85
Camps GA	19, 38	Folguera G	93	Kovalsky IE	20, 81
Caporale AL	83	Fontanarrosa G	51, 52		
Caraballo D	29				
Carnovale CS	21				

Kröhlhing D	68	Palacio FX	77, 78	Solís Neffa VG	18, 20, 40, 81, 86					
Kümmel S	51	Palacios-Gimenez OM	27	Sosa Pivatto M	71					
L		Pandolfo CE	9	Soto EM	46, 72, 74					
		Paredes EN	20, 81, 86	Soto IM	12, 35, 48, 65, 74					
		Pastor N	11	Souto CP	80					
	Labaroni CA	29	Pastori C	28	Stazione L	73				
	Lanzone C	26, 29	Pereyra M	11	Stefanini MI	74				
	Lara MB	39	Pérez DE	12	Strauss A	25				
	Lavagnino NJ	59, 69, 93	Pérez ML	40	Strelin MM	75				
	Lazo DG	65	Perez SI	25	Suárez P	29				
	Lehmann OER	12, 95	Petino Zappala MA	87	T					
			Petracci PF	85		Taffarel A	27			
Leveroni F	28	Píccoli CV	16	Teich I		76				
López JA	37	Pioli U	28	Teta P		43				
Lopez-Lauenstein D	19, 31, 76	Premoli AC	45, 56, 58, 63, 64, 67, 80	Torres C		90				
		Presotto A	9	Tuero DT		48				
Loretán G	61	Pueyrredón J	46	Túnez JI		22				
M		Q		U						
	Maldonado M		28			Quipildor V	67	Ureta S	9	
	Martí DA		27			Quiroga MP	67	Usseglio V	11	
	Martínez FS		62		R	V				
	Mathiasen P		45, 63, 64				Raguso RA	55	Valoy M	77, 78
	Matus R		85				Ramírez MJ	72	Varela O	77
	Mazar-Barnett J		85				Ramos RS	68	Vega C	19, 75, 79
	Mc Cracken KG		85				Rau A	28	Venegas-González A	64
	Méndez C		41				Robledo Dobladez GA	40, 85, 87	Verga A	19, 31, 38, 76, 79
	Milla Carmona P		48, 65, 72, 74				Rocatti G	25	Via do Pico GM	47
Miño Boilini AR	41	Rodríguez E	33	Videla M			62			
Monferran MD	39	Romero R	39	Villa AM			84			
Mongiardino Koch N	72	Roncati H	28	Vilatta E			91			
Mora MS	21	Rossi S	29	Volponi CR	36					
Moré M	23, 55	Rueda EC	37, 61	W						
Moreno EMS	20, 47	Ruíz Sánchez E	53		Wilson RE	85				
Murcia JE	81	S			Z					
N			Sambucetti P			73	Zacarías IA	39		
	Norry F		73			Samoluk SS	40, 87	Zavala JA	57	
	O					Sánchez K	28	Zazú P	33	
			Ojeda A			29	Sassi P	84	Zuñiga Feast A	80
			Ojeda RA			29	Satorre IG	69	Zurita AE	41
			Ordano M			77, 78	Sazatornil F	11, 24, 54		
			Ortiz VE			50, 59, 66, 87	Scaldaferro M	19		
			Orfeo O	17		Seijo JG	20, 40, 87			
			P			Sérsic A	19, 38, 70, 71, 76			
		Paiaro V		54						

