

AGROBIOTECNOLOGIA

CURSO 2018

Aplicación de Marcadores Moleculares en el mejoramiento genético y conservación forestal

Susana N. Marcucci Poltri

Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad de Buenos Aires



Temas a desarrollar

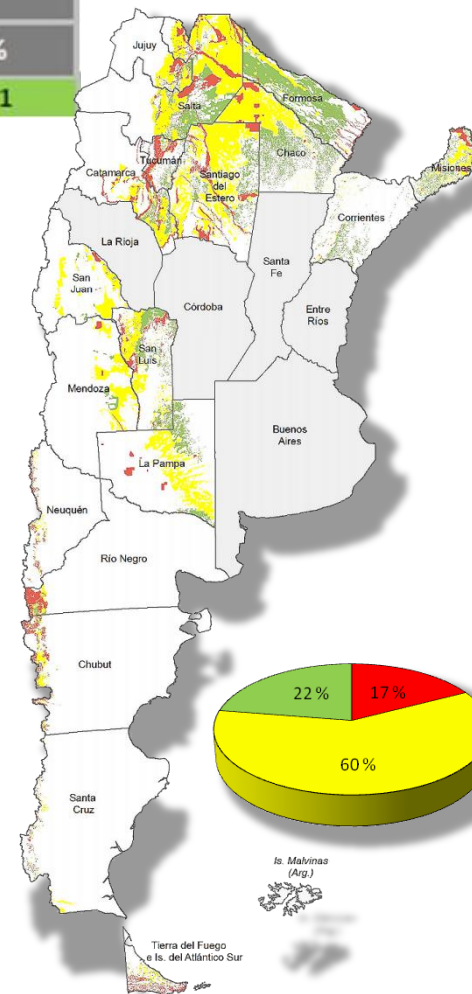
- Bosques Nativos; bosques cultivados; ordenamiento territorial (usos del suelo)
- Desarrollo genómicos locales en especies forestales introducidas (exóticas) y nativas
- Características de interés forestal, mediciones, conceptos del mejoramiento genético forestal. Ej. eucaliptos
- Aplicación de Marcadores Moleculares para controlar la calidad genética:
 - Huertos Semilleros
 - Poblaciones de mejoramiento , razas locales
 - Identificación clonal
 - Resolución de situaciones problemáticas
- Aplicación de MM en mejoramiento molecular
 - Mapeo de QTL
 - Mapeo de asociación
 - Selección genómica
- Aplicación de MM en conservación y manejo de especies forestales nativas: Análisis de Diversidad

Bosques Nativos

Ley N° 26.331 de Presupuestos Mínimos de Protección Ambiental de los Bosques Nativos

<http://obio.ambiente.gob.ar/otbn>

Provincia	Total	Por categoría de conservación					
		Rojo (I)		Amarillo (II)		Verde (III)	
		ha	%	ha	%	ha	%
Total	51.232.298	9.716.255	19	30.713.961	60	10.802.082	21



- Oportunidades con especies nativas
- Varios millones de ha amarillas.
- Fondo Nacional para el Enriquecimiento y la Conservación de los Bosques Nativos.
- Ley nacional de Promoción Forestal que contempla especies nativas.
- Especies emblemáticas desde el punto de vista cultural, con gran aceptación social, vinculadas en el saber popular al «cuidado de la naturaleza».
- Falta de alternativas productivas en áreas degradados por la agricultura,.

Bosques cultivados

> Oportunidades

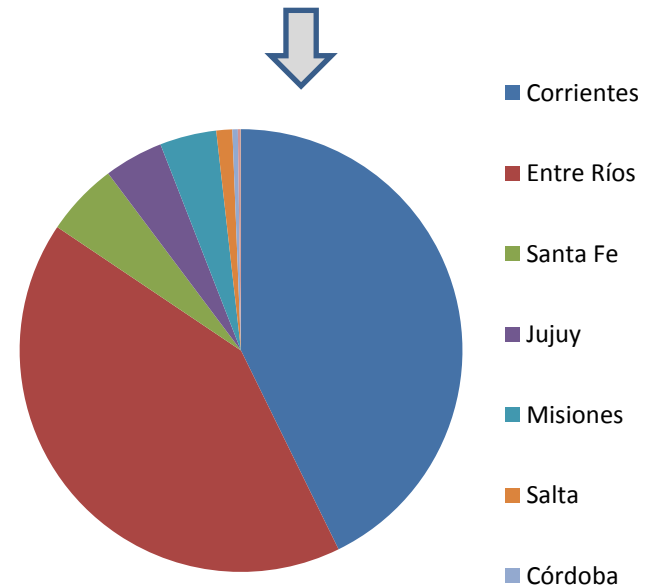
Creciente demanda de madera de calidad.

Importante eslabón de la cadena de valor. Apreciable impacto económico en las economías regionales de base forestal.

PMG del INTA con diversidad genética para seleccionar nuevos genotipos para una 2ª GM con mayor ganancia en velocidad de crecimiento, rectitud el fuste y calidad de la madera.

El INTA se destaca como creador y oferente de material mejorado de las principales especies forestales cultivadas, contribuyendo a disminuir la brecha tecnológica entre las empresas y los pequeños y medianos productores-industriales forestales.

- ✓ 1.200.000 ha de Bosques Cultivados (80% Mesopotamia)
- ✓ *Pinus* spp 727.000 ha
- ✓ *Eucalyptus* spp 255.000 ha



Desarrollo de marcadores moleculares en especies introducidas y nativas: contexto

Programas informáticos para detección de

- motivos repetidos (SSR) y diseño de primers específicos para estas regiones
- detección de SNP

Búsqueda de **información “in silico”** y validación “in vitro”

- A partir de información de secuencias genómicas públicas
- Secuencias de EST de Base de Datos públicas, proyectos genómicos

Desarrollos de novo:

- Transcriptomas
- Genomas para algún taxon
- Genotyping By Sequencing

Desarrollo de marcadores moleculares en especies introducidas

SSR de Secuencias de EST de Base de Datos públicas

+ Transferibles a otras especies de eucaliptos

Aplicación concreta:

- herramientas para identificación de individuos de *Eucalyptus spp*, que se incorporaron al conjunto de marcadores SSR neutros utilizados hasta el momento (EMBRAPA).
- fiscalización (INASE)
- estudios de diversidad genética, taxonomía, análisis de QTL y posibilidad de uso en selección genómica (GBLUP) para el cálculo más preciso de la relación de parentesco entre árboles

Desarrollo de marcadores moleculares en *Eucalyptus*

DOI: 10.1007/s11293-011-0440-0

ORIGINAL PAPER

Discovery, validation, and in silico functional characterization of EST-SSR markers in *Eucalyptus globulus*

Cintia V. Acuña · Paula Fernandez ·
Pamela V. Villalba · Martín N. García ·
H. Esteban Hopp · Susana N. Marcucci Poltri



Electronic Journal of Biotechnology ISSN: 0717-3458
<http://www.ejbiotechnology.info>
DOI: 10.2225/vol15-issue2-fulltext-3

RESEARCH ARTICLE

Microsatellite markers in candidate genes for wood properties and its application in functional diversity assessment in *Eucalyptus globulus*

Cintia V. Acuña¹ · Pamela V. Villalba¹ · Martín García¹ ·
Pablo Pathauer¹ · H. Esteban Hopp^{1,2} · Susana N. Marcucci Poltri¹ ✉

Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)
<http://dx.doi.org/10.5424/fs/2014233-05279>

Forest Systems 2014 23(3): 506-512
ISSN: 2171-5068
eISSN: 2171-9845

OPEN ACCESS

Short Communication. Transferability of microsatellite markers located in candidate genes for wood properties between *Eucalyptus* species

Cintia V. Acuña¹, Pamela Villalba¹, H. Esteban Hopp^{1,2} and Susana N. Marcucci Poltri^{1*}

¹ Instituto de Biotecnología, CICVyA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA Castelar), Castelar, Argentina. ² Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina

Transferencia entre 6 especies de *Eucalyptus*

sección
Exsertaria

E. camaldulensis (8)



E. tereticornis (8)



sección
Latoangulatae

E. grandis (8)



E. saligna (7)



sección
Maidenaria

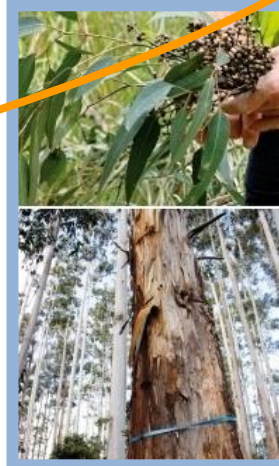
E. globulus (8)



E. viminalis (8)



E. dunnii (8)



GBS → miles SSR

Desarrollo de marcadores moleculares en especies nativas (de novo)

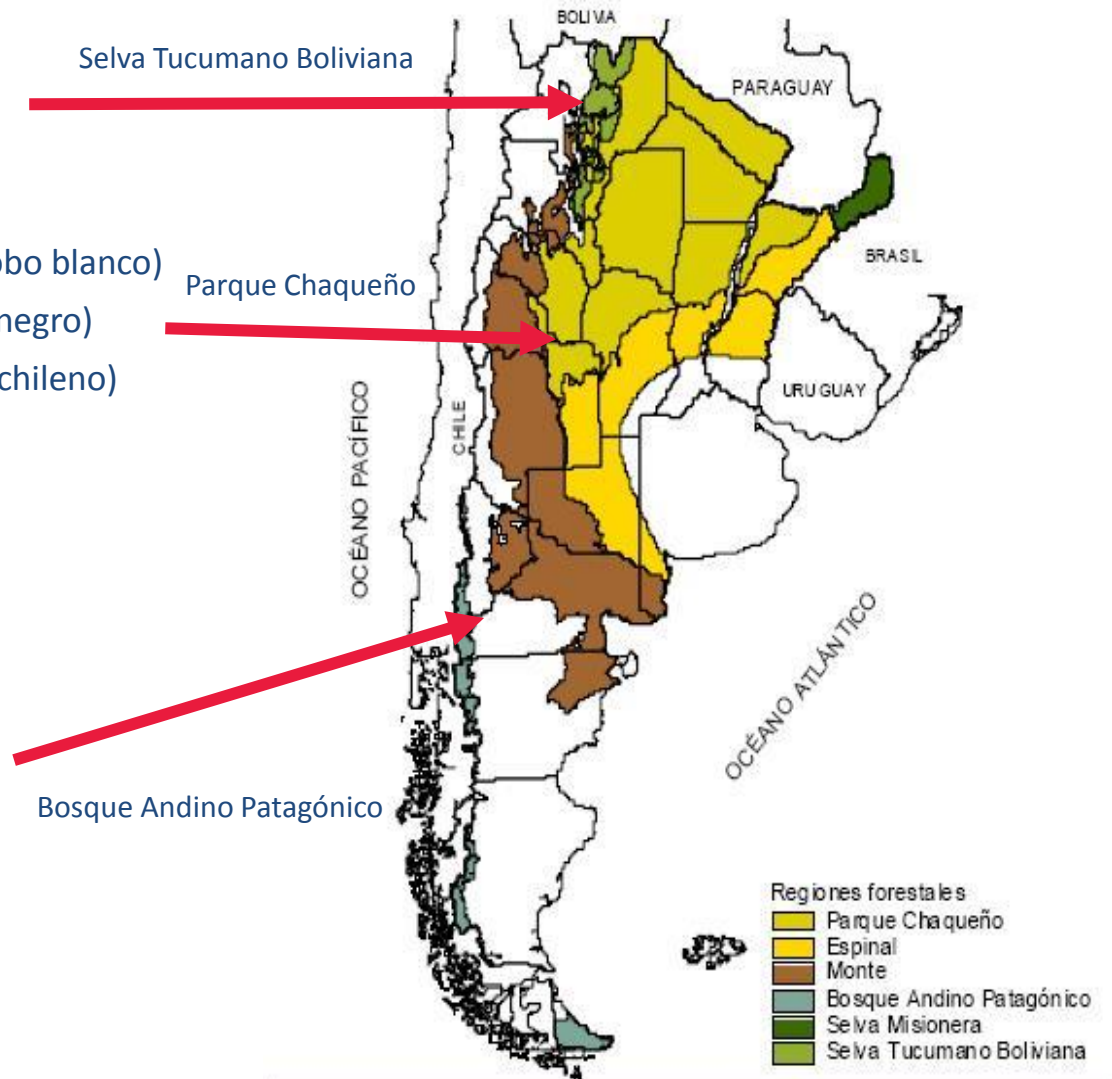


Cedrela balansae
(cedro Orán)



Prosopis alba (Algarrobo blanco)
P. flexuosa (Algarrobo negro)
P. chilensis (Algarrobo chileno)
e híbridos

Nothofagus nervosa (raulí)
Austrocedrus chilensis (ciprés de la
Cordillera)



Desarrollo de marcadores moleculares en especies nativas

herramientas para identificación de individuos

(pocos marcadores genómicos disponibles)

-para estudios de diversidad genética, conservación,
taxonomía, mapeo de QTL y cálculos de GBLUP,



- Información de transcriptomas base
- Detección de genes candidatos de tolerancia a estrés
- SSRs, SNPs



RESEARCH ARTICLE

Open Access

Transcriptome survey of Patagonian southern beech *Nothofagus nervosa* (= *N. Alpina*): assembly, annotation and molecular marker discovery

Susana L Torales^{1*}, Máximo Rivarola^{2,5}, María F Pomponio¹, Paula Fernández^{2,5}, Cintia V Acuña², Paula Marchelli^{3,5}, Sergio Gonzalez², María M Azpilicueta³, Horacio Esteban Hopp^{2,4}, Leonardo A Gallo³, Norma B Paniego^{2,5†} and Susana N Marcucci Poltri^{2*†}

INTA: IRB, IB, EEA Bariloche

RESEARCH ARTICLE

Open Access

De novo assembly and characterization of leaf transcriptome for the development of functional molecular markers of the extremophile multipurpose tree species *Prosopis alba*

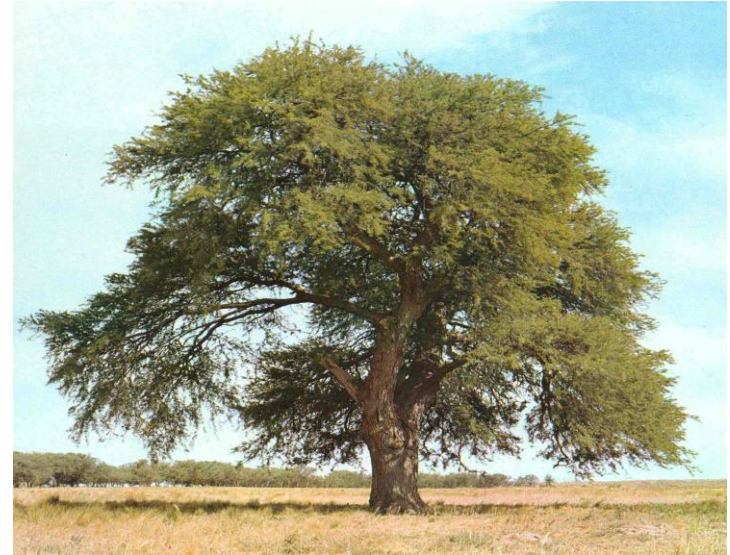
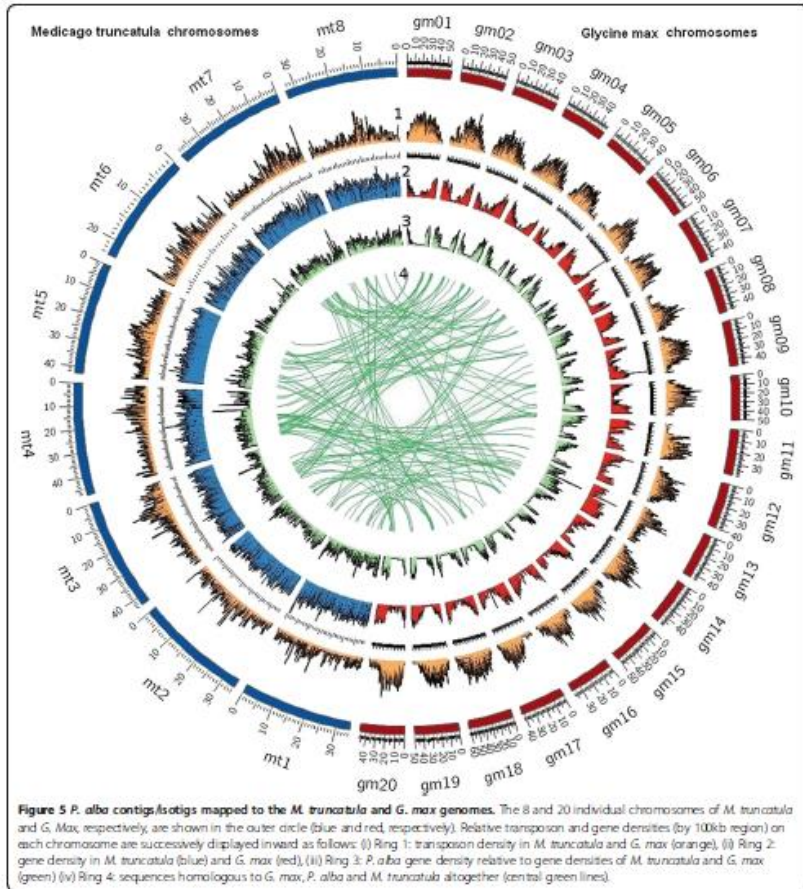
Susana L Torales^{1*†}, Máximo Rivarola^{2,5†}, María F Pomponio¹, Sergio Gonzalez², Cintia V Acuña², Paula Fernández^{2,5}, Diego L Lauenstein³, Aníbal R Verga³, H Esteban Hopp^{2,4}, Norma B Paniego^{2,5} and Susana N Marcucci Poltri²

INTA: IRB, IB, CIAP



N. antartica
N. dombeyi
N. pumilio
N. obliqua





Forest Systems
24(2) eRC04, 4 pages (2015)
eISSN: 2171-9845

<http://dx.doi.org/10.5424/fcs/2015242-07155>

Instituto Nacional de Investigaciones y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)

RESOURCE COMMUNICATION

OPEN ACCESS

Characterization of functional SSR markers in *Prosopis alba* and their transferability across *Prosopis* species

María F. Pomponio¹, Cintia Acuña², Vivien Pentreath³, Diego L. Lauenstein⁴,
Susana M. Poltri² and Susana Torales¹

¹ Instituto de Recursos Biológicos (IRB), CIRN Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INIA Castelar), Argentina. ² Instituto de Biotecnología (IB), CICVIA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INIA Castelar), CC 25, Castelar B1712WAA, Argentina.

³ Universidad Nacional de Patagonia San Juan Bosco, Ciudad Universitaria Km 4 Comodoro Rivadavia-Chubut, Argentina. ⁴ Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INIA), km 5.5 (5119), Córdoba, Argentina

- *P. flexuosa*
- *P. chilensis*
- *P. flexuosa* x *P. chilensis*
- *P. denudans*

Desarrollo de marcadores moleculares en *Austrocedrus chilensis*, *Cedrela balansae*

Austrocedrus
10 SSR (2044)



Cedrela balansae
212.691 secuencias

2663 SSR

1202 SNP

Posible diseño de un microarreglo para
la especie

Disponibilidad de marcadores: Desarrollo /ajuste SSR



• Bases de datos públicas de EST de *Eucalyptus*



Eucalyptus spp
100 SSR (779)

• Adaptación de marcadores *Araucaria*, *Pinus spp*, *Cedrela spp*



Araucaria spp
17 SSR (22)



Pinus spp
32 SSR (42)



Cedrela spp
13 SSR

• Secuenciación del genoma y de transcriptomas



Nothofagus nervosa
107 SSR (3319)



Prosopis alba
19 SSR (4611)



Cedrela balansae
13 SSR (1801)



Salix spp
70 SSR (90)



Austrocedrus
10 SSR (2044)

Desarrollo de marcadores

- <http://inta.gob.ar/documentos/desarrollo-y-aplicacion-de-herramientas-de-genetica-molecular-para-resolver-problemas-complejos-de-la-genetica-forestal>

Desarrollo y aplicación de herramientas de genética molecular para resolver problemas complejos de la genética forestal



El INTA desarrolla, ajusta y aplica marcadores genéticos para asistir a mejoradores, productores e investigadores en la resolución de problemáticas vinculadas al mejoramiento genético y la conservación de especies forestales de interés en Argentina. En el 4to Congreso Forestal Argentino y Latinoamericano llevado a cabo en septiembre de 2013 en Iguazú, Misiones, fue presentado el siguiente trabajo de investigación:

Por:

Autores:


Susana Noemi MARCUCCI POLTRI, Susana Leonor TORALES, Verónica, EL MUJTAR, Cintia Vanesa ACUÑA, CAROLINA SOLIANI, Noga ZELENER, Patricia Griselda SCHMID, María Florencia POMPONIO, PAULA MARCHELLI, María Virginia INZA, Georgina SOLA, María Cristina SOLDATI, PAMELA VICTORIA

VILLALBA, MARÍA VERONICA ARANA, JORGE ALFREDO BOZZI, MARTIN NAHUEL GARCIA, María Marta AZPILICUETA, María Carolina MARTINEZ, Juan Gabriel RIVAS, Diego LOPEZ LAUESTEIN, Andrea COSACOV, Carmen VEGA, Eduardo Pablo CAPPÀ, Leonardo Alfredo ORNELLA, MARIO JUAN PASTORINO, Pablo PATAHUER, Juan Pablo DIEZ, Silvia Cora CORTIZO, Teresa CERRILLO, María Elena GAUCHAT, Gustavo Hernán RODRIGUEZ, Hugo Enrique FASSOLA, Norberto Manuel PAHR, Mauro SURENCISKI, Gustavo Pedro Javier OBERSCHHELP, Leonel HARRAND, Juan Adolfo LOPEZ, Luis Fernando FORNES, Anibal VERGA, Martín Alberto MARCO, Horacio Esteban HOPP y Leonardo Ariel GALLO

Marcadores de alto desempeño disponibles *Eucalyptus*

• 7860 marcadores DArT

Sansaloni et al. *Plant Methods* 2010, 6:16
<http://www.plantmethods.com/content/6/1/16>



PLANT METHODS

METHODOLOGY Open Access

A high-density Diversity Arrays Technology (DArT) microarray for genome-wide genotyping in *Eucalyptus*

Anna P Sansaloni^{1,2}, César D Petrolli^{1,2}, Jason Carling³, Corey J Hudson⁴, Dorothy A Steane⁵, Alexander A Myburg⁶, Dario Grattapaglia^{1,2,6}, René E Vaillancourt⁴ and Andrzej Kilian³



nature International weekly journal of science

Home News & Comment Research Careers & Jobs Current Issue Archive Audio & Video For Authors


Research Articles Article

NATURE | ARTICLE OPEN

ARTICLE OPEN

The genome of *Eucalyptus grandis*


Alexander A. Myburg¹, Dario Grattapaglia^{1,2}, Gerald A. Tuskan³, J. The Haberer⁴, Richard D. Hayes⁵, Jane Grattapaglia⁶, Corey J. Hudson⁴, César D. Petrolli^{1,2}, Diego B. Soares¹, David A. Coombe⁷, Inna Korolova⁸, Benjamin P. Bensch⁹, Edoardo Menni¹⁰, Anand K. K. Sillan¹¹, Steven G. Truett¹², David P. Baxendale¹³, Karen van der Meulen¹⁴, Freda Engler¹⁵, Edna von Zastrow¹⁶, Christelle D. Bova¹⁷, Robert C. Taylor¹⁸, Mark R. Pappas¹⁹, Elizabeth A. Ford²⁰, Gerald F. Sankaran²¹, Cesar D. Petrolli²², Alan Chan²³, Prithi Ranjan²⁴, Timothy J. Tuohimäki²⁵, John T. L. Eaves²⁶, Kerstin Vesterlund²⁷, Thomas Haug²⁸, Marcel Isenhardt²⁹, Fabian San-Denis³⁰, Nikhil Singh³¹, Han-Cheon Wang³², Christopher D. Young³³, Charles A. Hoot³⁴, Ulrich Beierling³⁵, Anu B. Sreenivasulu³⁶, Ralfi Viding³⁷, Madhusu Anandaraman³⁸, Marko Rauti³⁹



Myburg, Grattapaglia, Tuskan et al. *Nature* 2014

• 384 marcadores SNP.

Grattapaglia et al. *BMC Plant Biology* 2011, 11:65
<http://www.biomedcentral.com/1471-2229/11/65>




BMC Plant Biology

RESEARCH ARTICLE Open Access

High-throughput SNP genotyping in the highly heterozygous genome of *Eucalyptus*: assay success, polymorphism and transferability across species

Dario Grattapaglia^{1,2}, Orzenil B Silva-Junior¹, Matias Kirst³, Bruno Marco de Lima^{1,4}, Danielle A Faria¹ and Georgios J Pappas Jr^{1,2}



A flexible multi-species genome-wide 60K SNP chip developed from pooled resequencing of 240 *Eucalyptus* tree genomes across 12 species

Orzenil B. Silva-Junior^{1,2}, Danielle A. Faria³ and Dario Grattapaglia^{2,3}

GBS
(GENOTIPIFICACIÓN POR SECUENCIACIÓN)
(Ajustando protocolo *E. dunnii*, Aguirre N. 2015)

Particularidades de los árboles

Largos tiempos generacionales: floraciones tardías, maduración lenta, ciclos reproductivos largos

Evaluaciones en general tardías

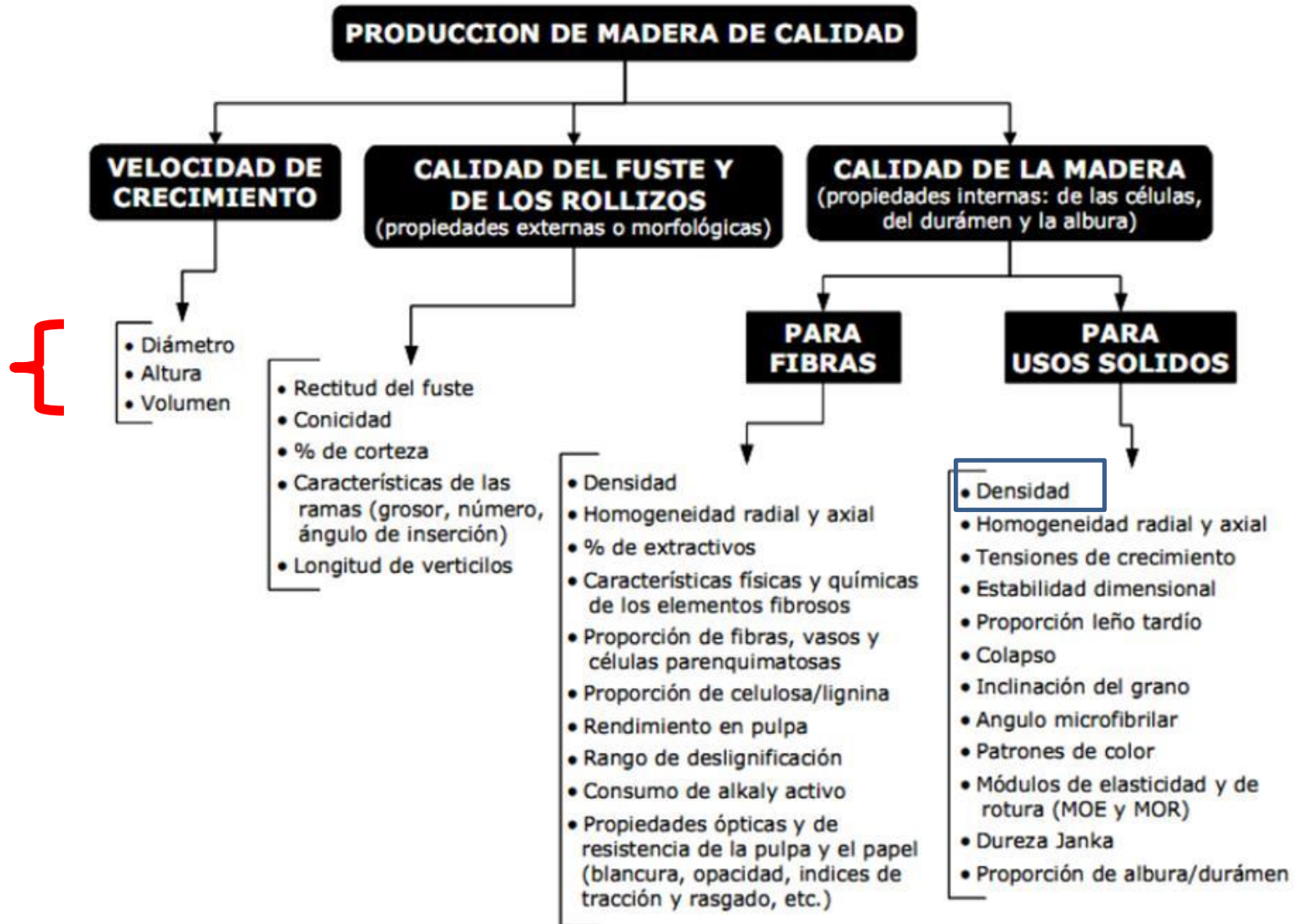
Alta depresión por endocría

Distintos grados de **dificultad para multiplicación vegetativa** (enraizamiento) y para regeneración de tejidos

Biotecnología:

- caracterización de diversidad genética utilizando marcadores moleculares
- genómica, mapeo genético y la selección asistida por marcadores
- GM
- Micropropagación

Características de interés



Propiedades de interés forestal

Características de crecimiento

Altura

Altura total (hT): distancia vertical entre el nivel del suelo y el extremo superior del árbol.

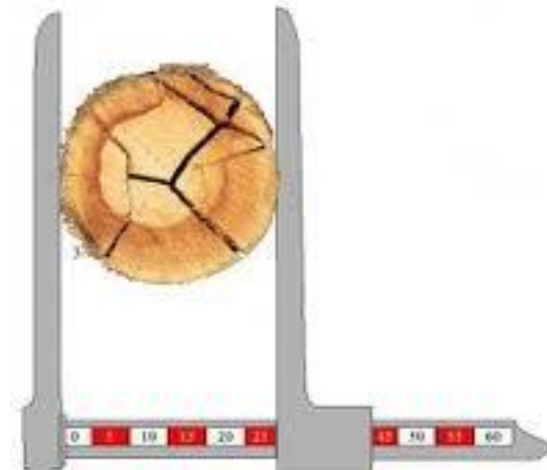
hipsómetro Haga



Diámetro a la altura del pecho

Diámetro a la altura del pecho (DAP): es el diámetro del árbol a 1,30m de altura sobre el nivel del suelo

La huincha o cinta diamétrica esta graduada de tal manera que cada centímetro de diámetro equivale a 3,14159 cm. de longitud, lo que permite la lectura directa del diámetro del árbol en función de la circunferencia



Propiedades de interés forestal

Calidad de la madera:

Métodos **no destructivos** utilizando penetrómetro, ultrasonido, barreno hueco (tarugos), NIR

Densidad de madera: Pilodyn o Penetrómetro: funciona mediante el disparo de una aguja de acero (\varnothing 2,5 mm. o \varnothing 2,0 mm) sobre la madera con una energía uniforme. La profundidad de penetración se lee en una escala.



Dureza : Depende de su densidad, edad, estructura y si se trabaja en sentido de sus fibras o en el perpendicular.

Tensiones de crecimiento: Índice de rajado



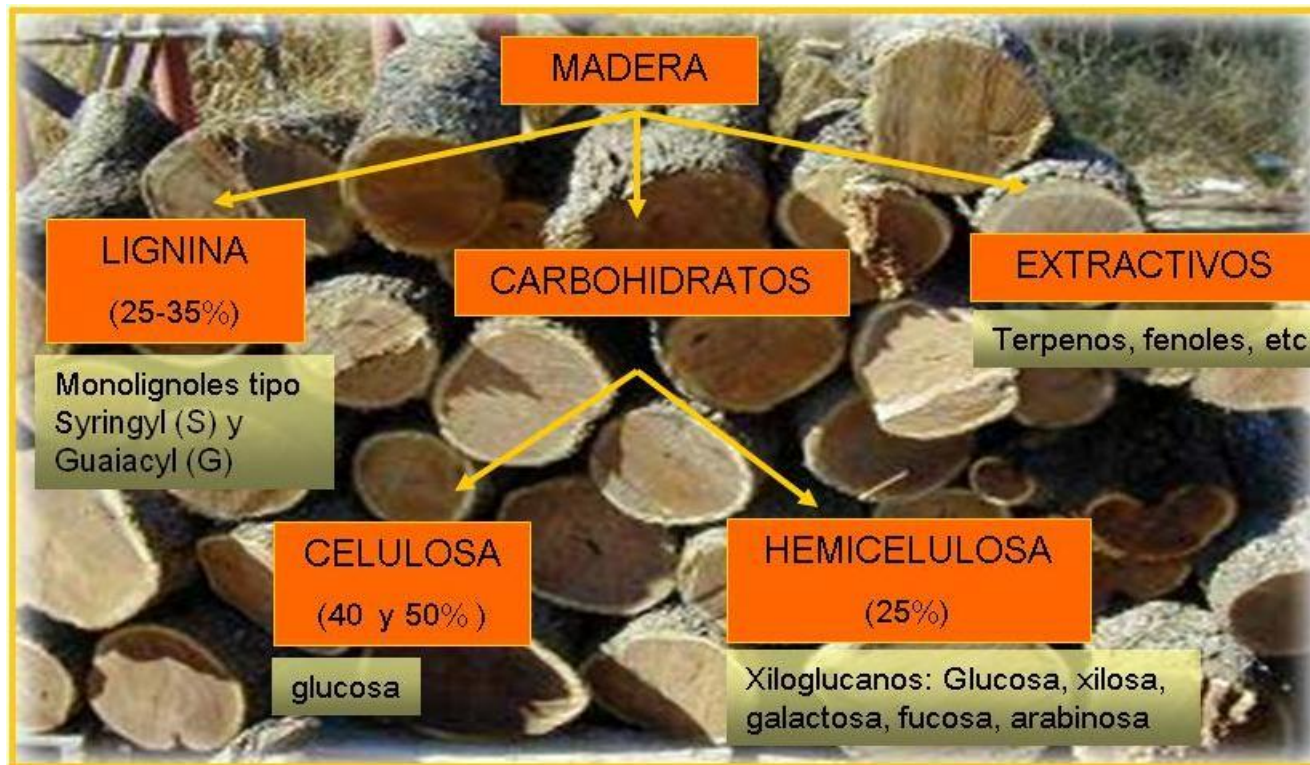
Juan Adolfo López y Augusto Javier López

Otras Estimaciones utilizando el sonido (Treesonic): buena correlación con el módulo de elasticidad y con el límite elástico de la madera



Propiedades de interés forestal

Calidad de la madera: propiedades químicas (pulpa de papel)



Propiedades de interés forestal

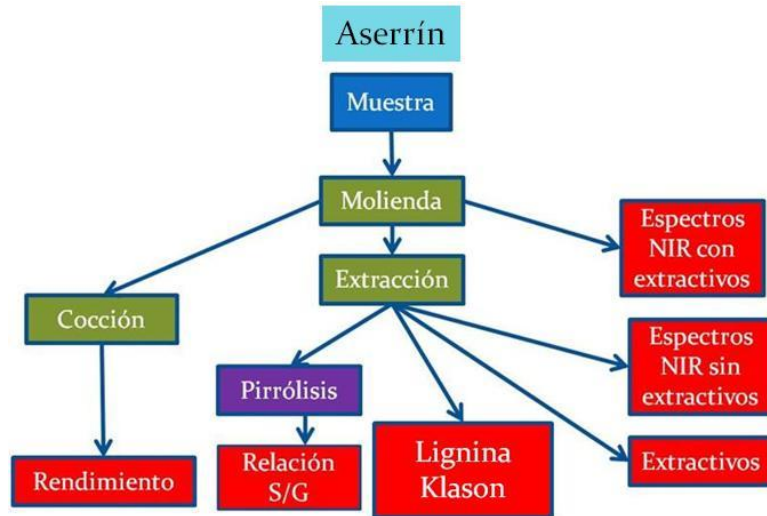
Métodos no destructivos para estimar:
Espectros de NIR (Near Infrared Reflectance)

Densidad

Lignina: total, Klason, S/G

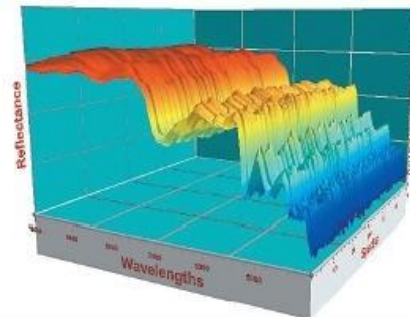
Extractivos: totales, etanólicos, acuosos

Rendimiento pulpable)

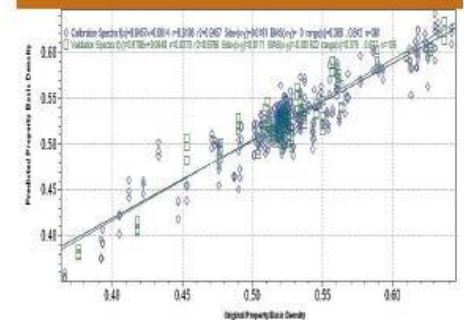


Tarugos para análisis químicos

Espectro tridimensional de todas las muestras usadas en la calibración de densidad.



Ajuste propiedad original versus propiedad predicha.



Mejoramiento genético forestal

El mejoramiento genético forestal aplica los principios básicos de la genética al manejo de las especies forestales.

Objetivos fundamentales: aumentar la productividad y la adaptabilidad de dichas especies, así como conservar a largo plazo la diversidad genética existente.

Adaptación a estrés: biótico-abiótico

Actividades fundamentales:

Selección

Propagación masiva del material mejorado

Conservación de los recursos genéticos

Mejoramiento genético forestal

Información necesaria:

1. el objetivo del mejoramiento:

mejorar la producción de madera; el volumen de trozos aserrables; incrementar la cantidad y calidad de la pulpa; desarrollar resistencia a enfermedades y plagas; etc.

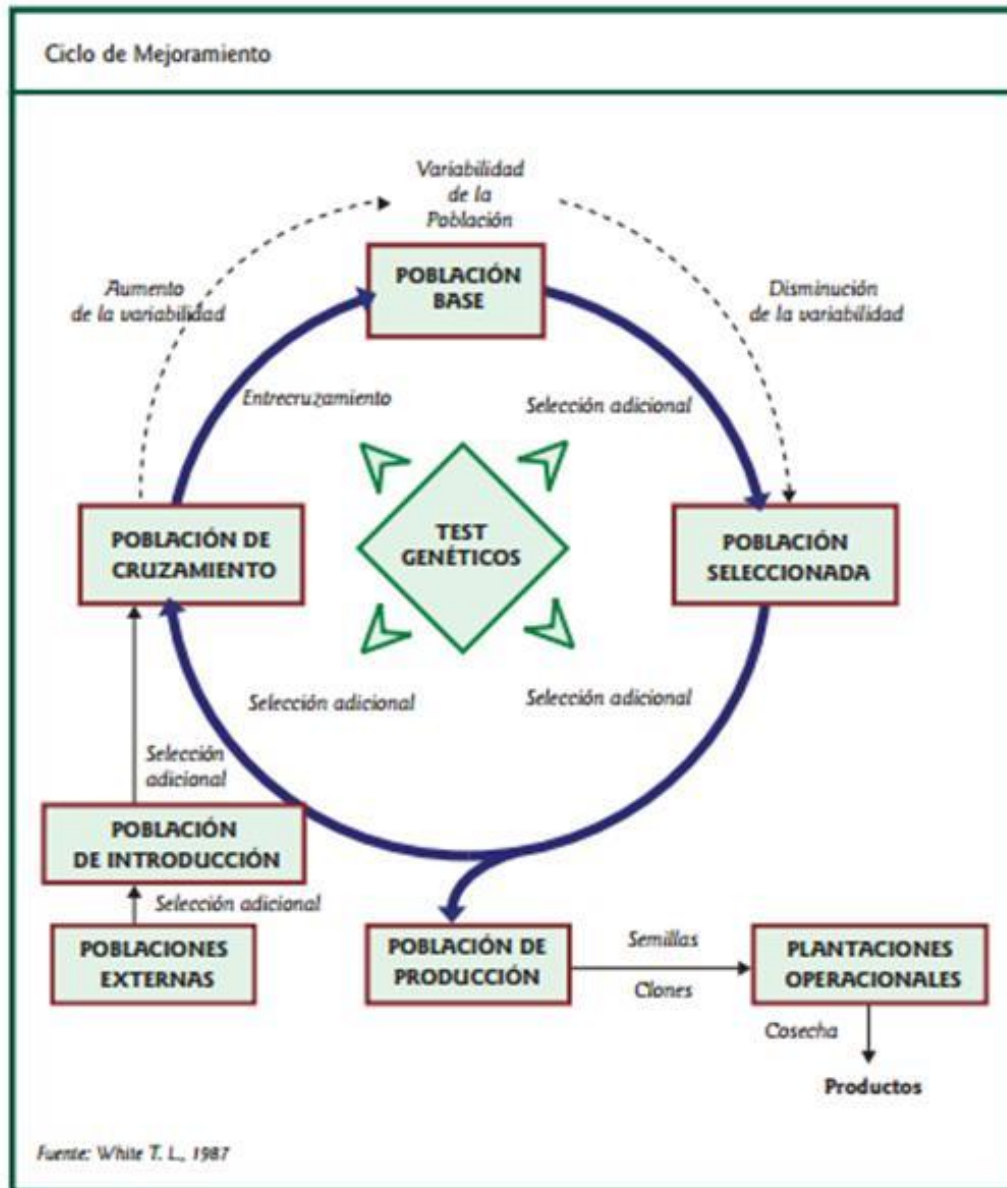
2. el grado y patrón de variación

A mayor variación genética y mayor control ejercido por los genes sobre los caracteres de interés, mayor será la posibilidad de obtener un mejoramiento de éstos.

3. la biología de la especie

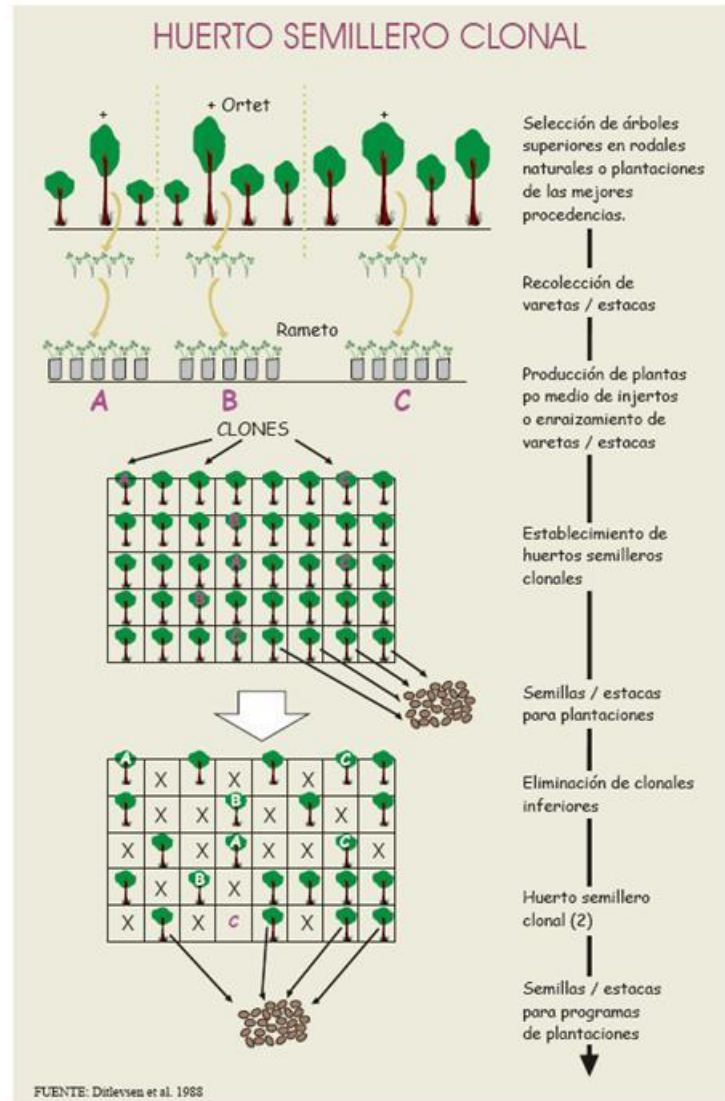
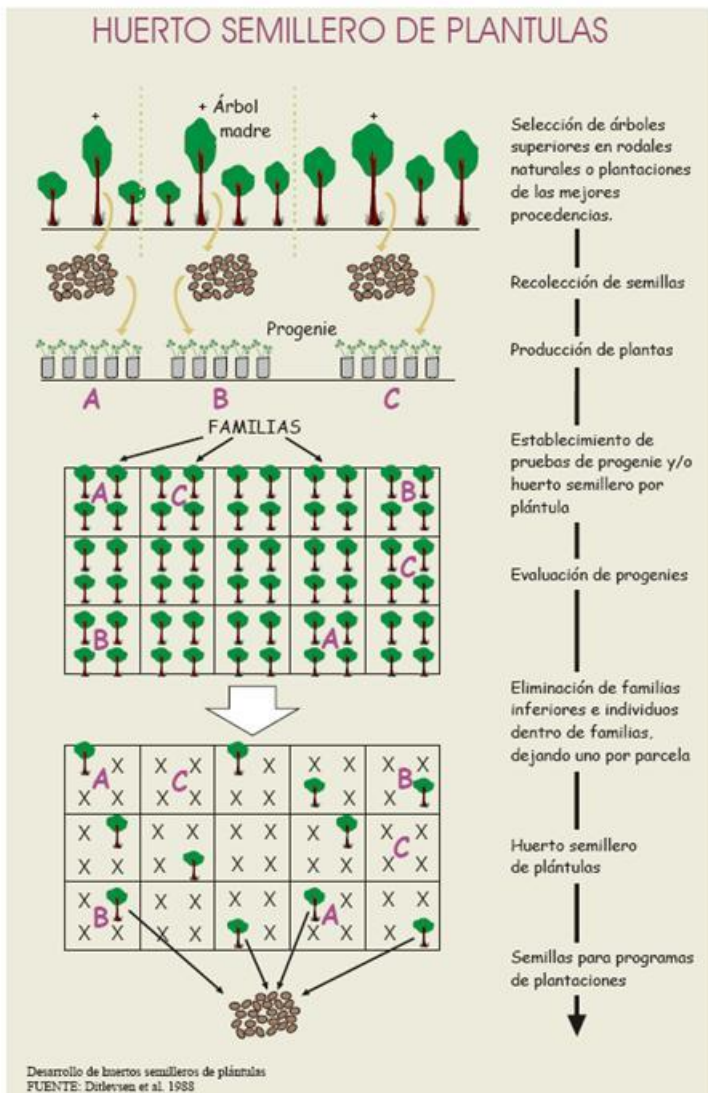
Tipo de floración, modo de polinización predominante, habilidad de enraizar o formar injertos, edad de madurez sexual,

Ciclos del mejoramiento genético



- Ciclos sucesivos de selección y cruzamiento
- Especies introducidas implica varias instancias de selección del material

Producción de semilla mejorada: Huertos Semilleros



Análisis básicos para evaluar diversidad genética utilizando datos moleculares

<http://biology-assets.anu.edu.au/GenAlEx/Welcome.html>

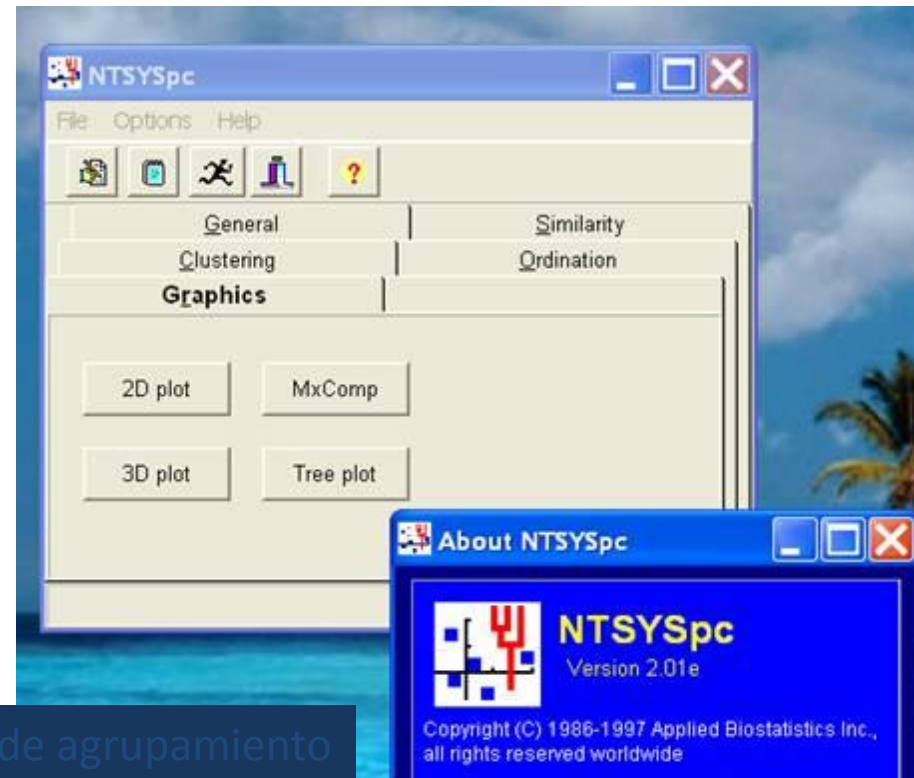


```
× Populations 1.2.28 CNRS UPR9034 ×  
× langella@pge.cnrs-gif.fr ×  
× http://www.cnrs-gif.fr/pge ×  
XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX
```

Matriz de distancia SSR (1-prop alelos compartidos)

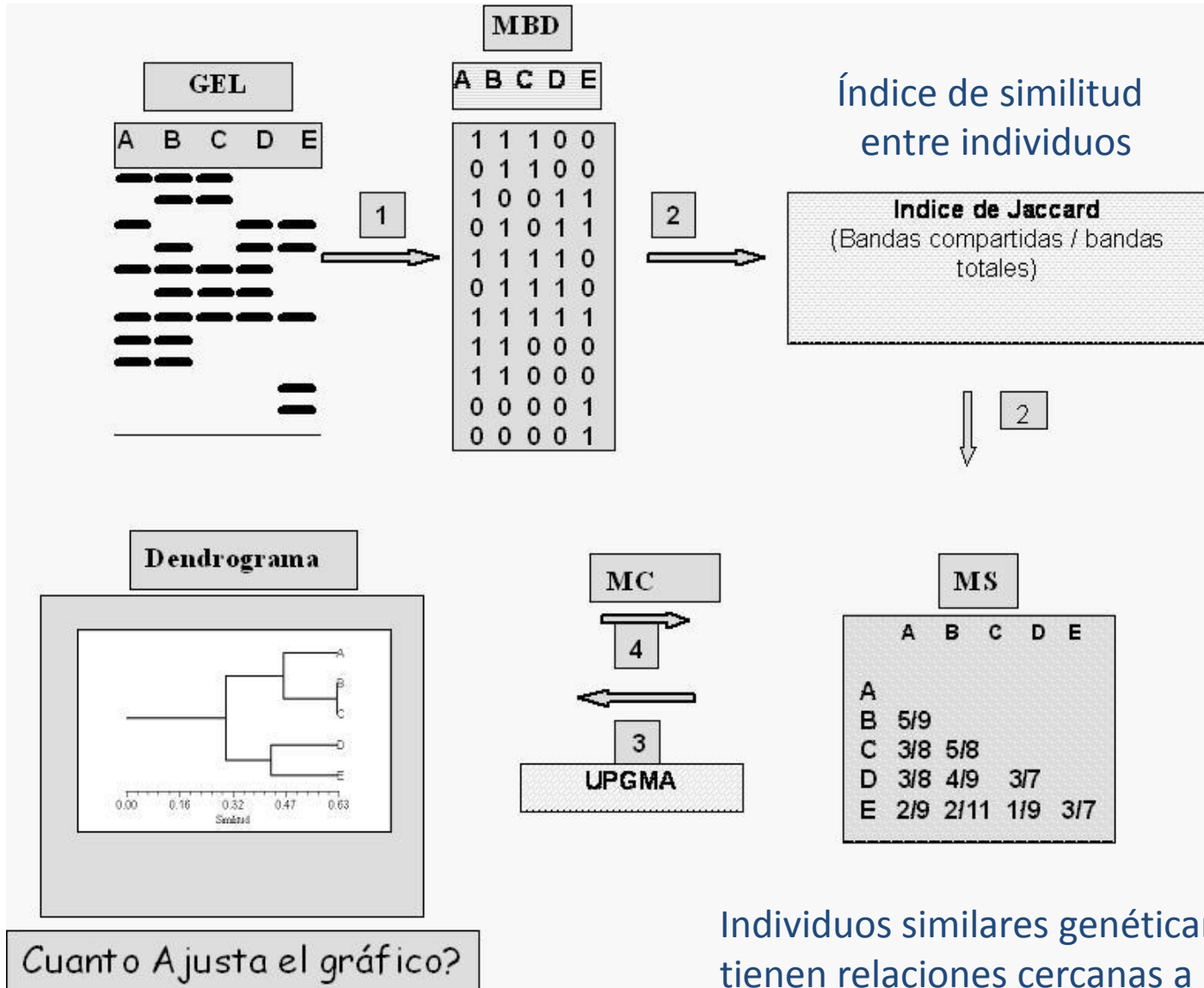


Riqueza alélica SSR



Análisis de agrupamiento

Similitud entre individuos (marcadores dominantes)

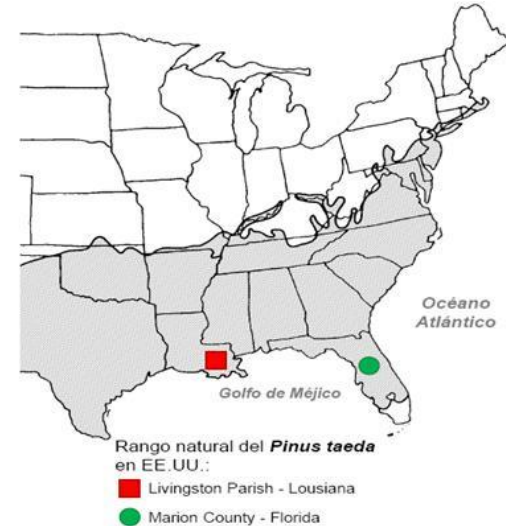


Determinación de la Diversidad Genética en Huertos Semilleros Clonales de *Pinus taeda* L.



Poblaciones

- **HSC 1993**
- **HSC 1994**
- **HSC 1995**
- **HSC 1999**
- **HSC 2001**
- **HSC Bulk 2001**



**N total=138 árboles
(108 genotipos distintos)
12 SSR**

Crecimiento (DAP y HT) y rectitud de fuste
Ramas (grosor y ángulo de inserción)
Copa



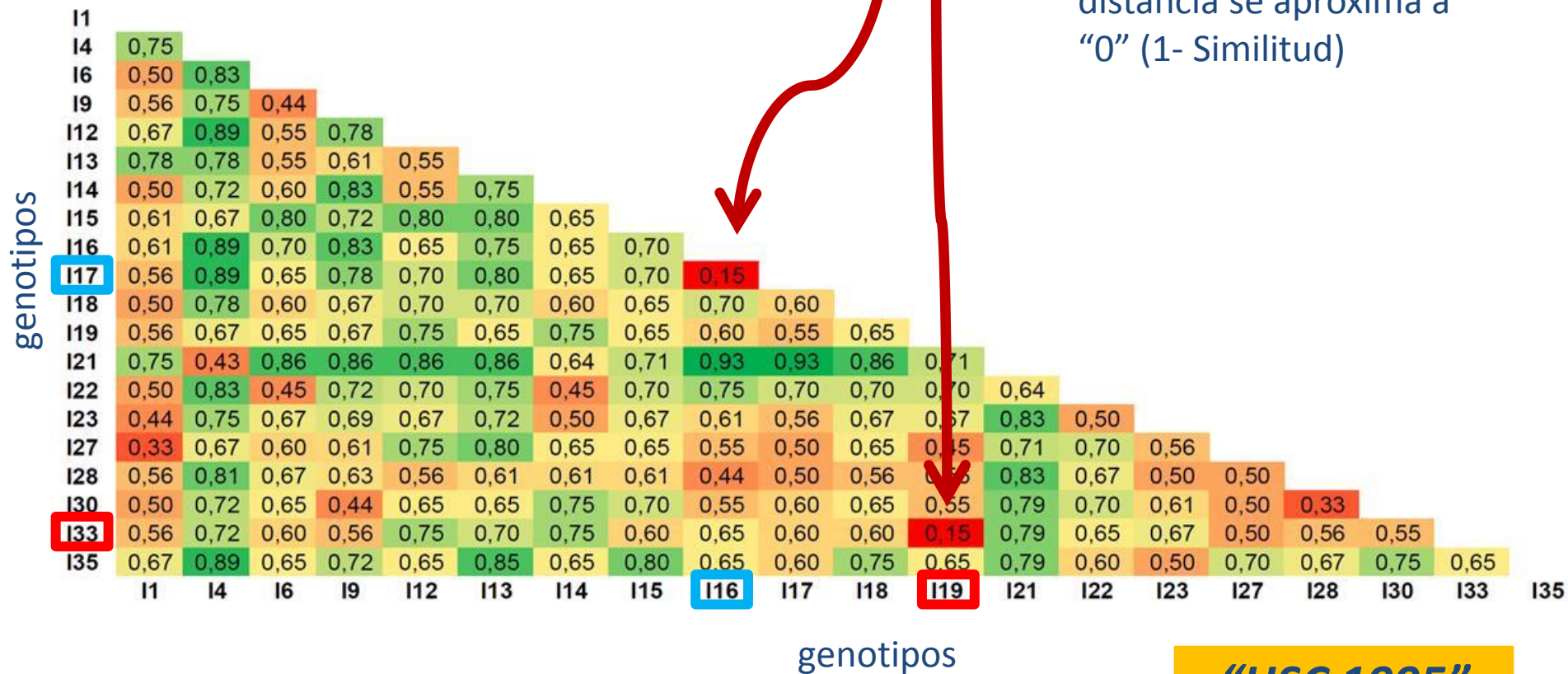
Orígenes de los árboles

- Marion
- Livingston
- Futululu
- Columbia



Matriz de Distancia genética para la detección de pares de “individuos críticos” en el HSC

Individuos muy similares genéticamente entre sí, la distancia se aproxima a “0” (1- Similitud)



“HSC 1995”

Selección de Huertos Semilleros *Eucalyptus dunnii*

Selección de Huerto semillero de plántulas a partir de ensayos de orígenes y progenies

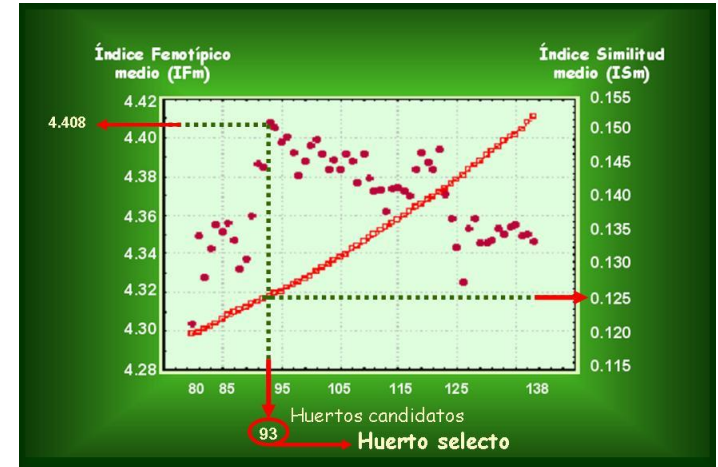
3.9% > I.Fenotípico
6% < I.Similitud

Zelener et al. 2005.

Tree Physiol. 25: 1457-1467



AFLP
SSR (conservación riqueza alélica)



Selección de un Huerto semillero clonal de a partir de selecciones locales

1/3 de individuos: Conservación del 95% los alelos

Mínima similitud genética

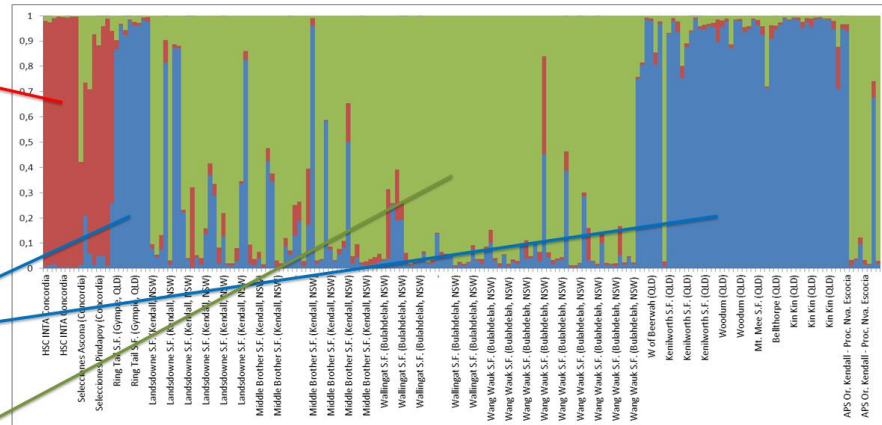
Marcucci Poltri et al, 2003

Tree Physiology

Determinación de procedencias de razas locales adaptadas

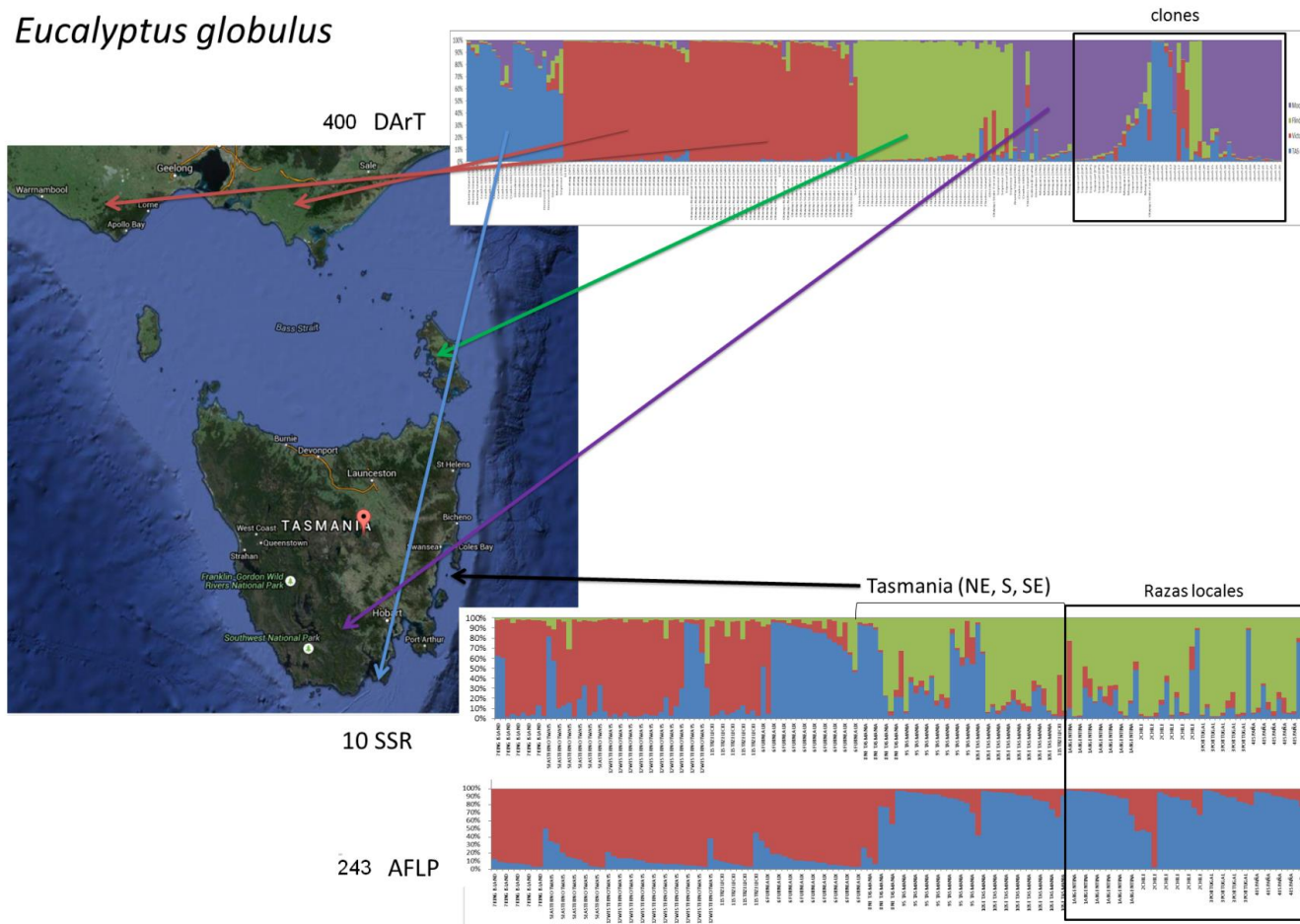


Eucalyptus grandis 400 DART



Determinación de procedencias de razas locales y clones

Eucalyptus globulus



Identificación clonal (descriptores auxiliares inscripción en INASE)

Clones de *Eucalyptus grandis*
e híbridos interespecíficos GC, GD y GT



En *Eucalyptus grandis*

Identificación Genética de Clones Utilizando Microsatélites

Torales et al 2005 IDIA XXI,
Villalba 2010, EEA Concordia

Validación de marcadores de ADN para su aplicación en los programas de certificación forestal

Rivas JG, Acuña CV, Villalba PV, García A, Langan M, Moyano J, Biais C, Losada ML, Krummel L, Loray MA, Martínez MC, Marcucci Poltri S, Pagano E, Cortizo S, [Vicario AL](#).



Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria
Instituto Nacional de Semillas

2015





RECUPERACIÓN DE LA IDENTIDAD GENÉTICA DE CLONES DE *Eucalyptus grandis* E HÍBRIDOS MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES DE ADN



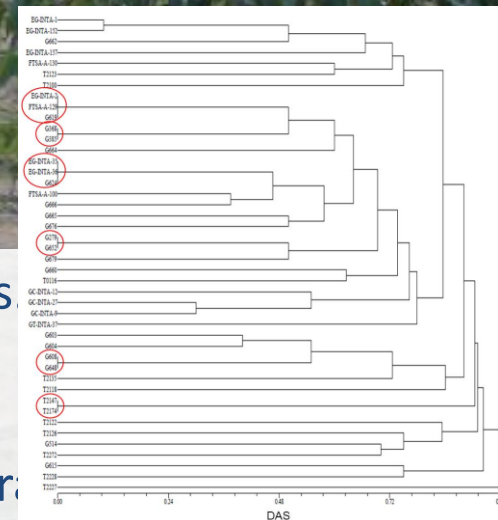
XXVIII Jornadas Forestales de Entre Ríos

Acuña C¹, Rivas JG¹, Harrand L², Villalba P¹, Marcó M², Marcucci Poltri, S¹

1- Instituto de Biotecnología, INTA Castelar; 2- EEA Concordia, Entre Ríos, Argentina. acuana.cintia@inta.gob.ar

Identidad de 270 rametos pertenecientes a 44 clones *E. grandis* e híbridos

Ensayo implantado en Colón (Entre Ríos) en 2011 (EEA Concordia y empresa Comercio y Desarrollo). Clones correspondientes a material comercial o precomercial de diferentes empresas: Forestadora Tapebicua (FTSA), Vivero Paul Forestal (G), Pomera Maderas (T), vivero Loreto Forestal (EG-INTA) y de la EEA Concordia de INTA (GC y GT-INTA).



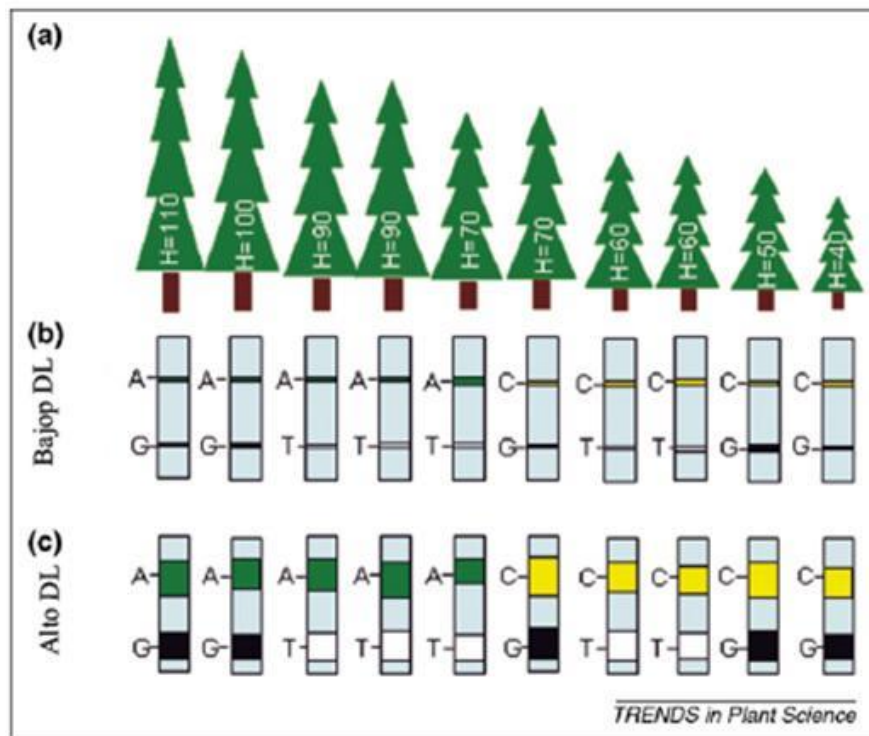
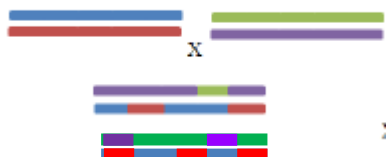
- se re-estableció la identidad perdida de estos individuos/clones
- se recuperó el ensayo a campo
- existencia de problemas en los rótulos originales
- distancia genética entre los individuos de la población de mejor

Mapeo de QTL para investigar la base genética de la formación de la madera para fines industriales y producción de energía del cultivo de eucaliptos



Mapeo asociación →

Mapeo genético →

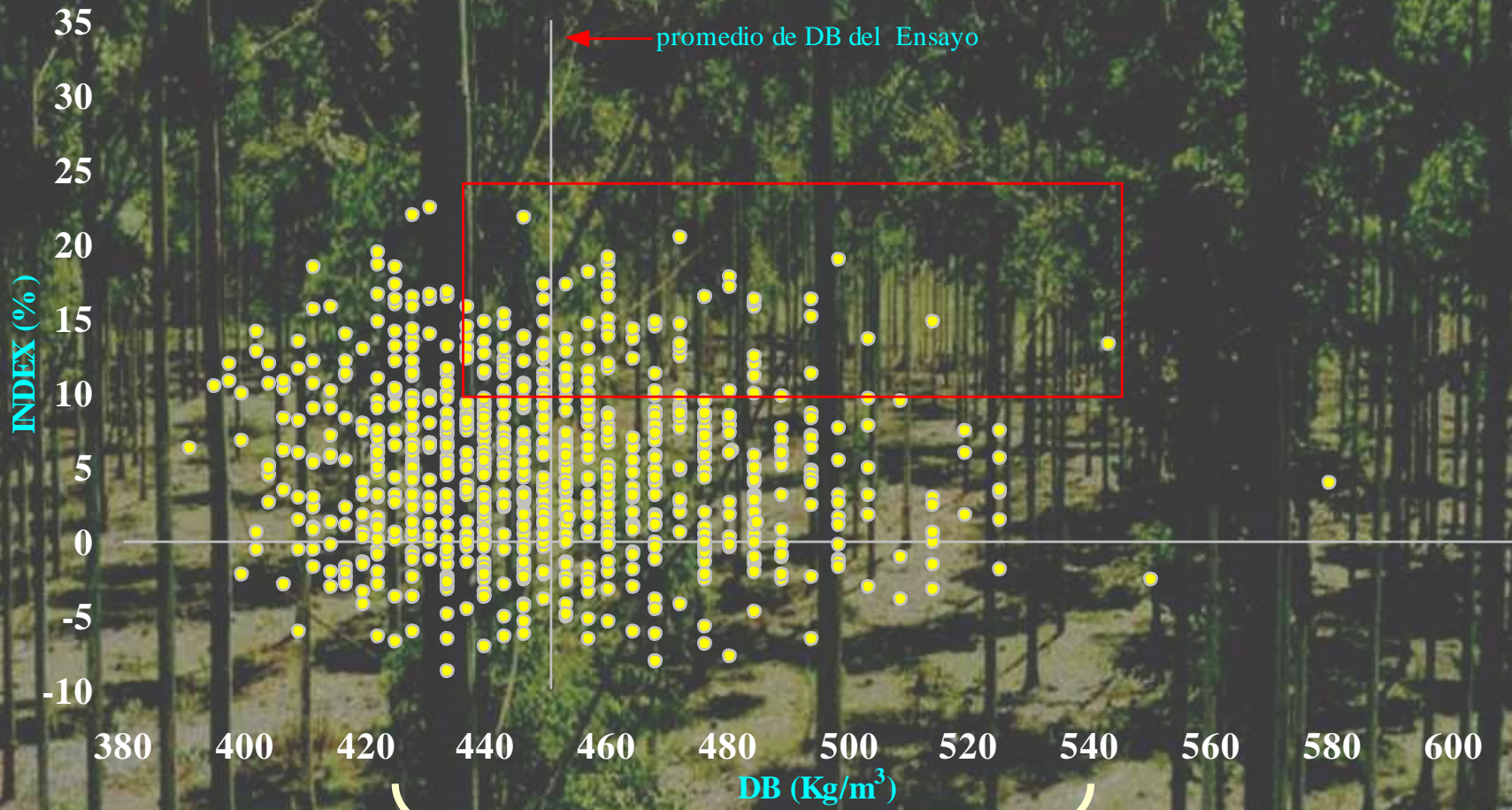


$$Y = G + Q \text{ ó } P/K + E$$

Y=fenotipo,
G=genotipo,
Q= estructura,
K =relaciones

Análisis de recombinación genética
en cada parental: cosegregación del
carácter y marcador

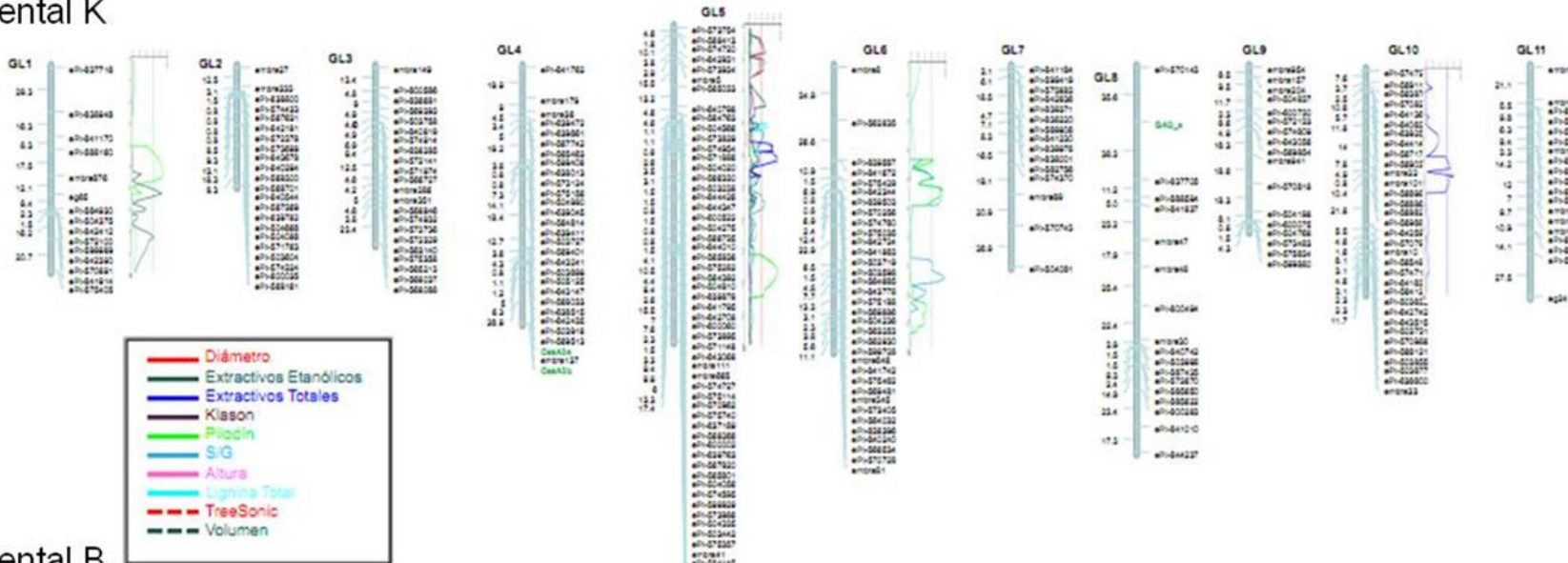
Mapeo de QTL en *E. grandis*



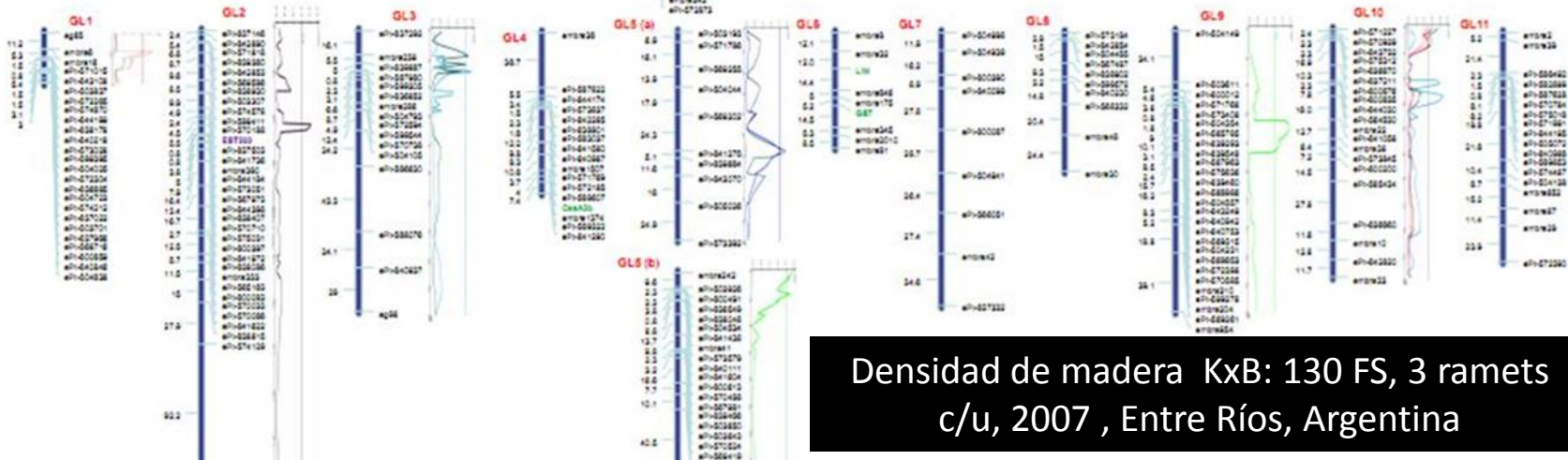
2) Gx36
3) C182-5 X C32-20
DENSIDAD BÁSICA DE MADERA

QTL : mapeo población biparental

Parental K



Parental B



MAPMAKER 3.0 (LOD 3.0)
 QTL Cartographer 2.5
 (composite interval mapping analysis, LOD 2.5)

33 QTLs: Diameter (2), TH (3), volume (2), wood density (4), MOE (1), Lignin Klason (9), total lignin (7), S/G (3), Extractives EtOH(2),



Tree selection including several QTLs related to growth and wood quality traits in *Eucalyptus grandis*

Martín García^{12*}; Eduardo Cappa²³; Pamela Villalba¹²; Cintia Acuña¹; María Martínez¹; Javier Oberschelp⁴; Leonel Harrand⁴; Juan López⁵; Janet Higgins⁶; Martín Marcó⁴; Norma Paniego¹; Susana Marcucci Poltri¹; Mauro Surenciski⁴; Esteban Hopp¹

<i>Physical properties</i>	Wood density	QTL1 (R ² =0.131)	QTL2 (R ² =0.083)	QTL3 (R ² =0.290)	QTL4 (R ² =0.068)						
	<i>Number of individuals</i>	38	70	50	34						
	Modulus of elasticity (MOE)	QTL (R ² =0.094)									
	<i>Number of individuals</i>	51									
<i>Growth</i>	Tree height (TH)	QTL1 (R ² =0.178)	QTL2 (R ² =0.098)	QTL3 (R ² =0.109)							
	<i>Number of individuals</i>	7	56	14							
	Diameter breast height (DBH)	QTL1 (R ² =0.228)	QTL2 (R ² =0.065)								
	<i>Number of individuals</i>	2	7								
	Volume (VOL)	QTL1 (R ² =0.085)	QTL2 (R ² =0.223)								
	<i>Number of individuals</i>	57	62								
<i>Chemical properties</i>	Klason lignin	QTL1 (R ² =0.006)	QTL2 (R ² =0.005)	QTL3 (R ² =0.002)	QTL4 (R ² =0.204)	QTL5 (R ² =0.002)	QTL6 (R ² =0.005)	QTL7 (R ² =0.003)	QTL8 (R ² =0.094)	QTL9 (R ² =0.039)	
	<i>N° individuals with high content</i>	38	60	66	69	5	57	30	51	69	
	<i>N° individuals with low content</i>	57	61	63	62	9	50	31	62	37	
	Total lignin	QTL1 (R ² =0.052)	QTL2 (R ² =0.136)	QTL3 (R ² =0.023)	QTL4 (R ² =0.020)	QTL5 (R ² =0.020)	QTL6 (R ² =0.029)	QTL7 (R ² =0.030)			
	<i>N° individuals with high content</i>	48	68	20	3	2	48	5			
	<i>N° individuals with low content</i>	46	62	8	9	2	37	5			
	Lignin composition (S/G)	QTL1 (R ² =0.164)	QTL2 (R ² =0.083)	QTL3 (R ² =0.213)							
	<i>N° individuals with high ratio S/G</i>	68	3	54							
	Ethanolic extractives	QTL1 (R ² =0.105)	QTL2 (R ² =0.120)								
	<i>N° individuals with high content</i>	47	3								
	<i>N° individuals with low content</i>	53	9								





QTLs	Scaffold	Genes	GO id's	Lignin Biosynthesis	Cellulose and xylan	Peroxidases	SDRLK
Wood density	1,5,6,9	299	445	nd	1	nd	4
MOE	6	26	81	nd	nd	nd	nd
TH	5,6	355	518	nd	3	2	23
DBH	6	168	283	nd	4	nd	13
VOL	5,6	330	485	nd	4	1	19
Klason	2,3,4,5,6,7,8	340	563	5	1	nd	nd
Lig-Tot	2,5,6,7	353	505	nd	1	nd	4
S/G	2,6	217	294	nd	2	1	4
Ext_et	5	67	71	nd	nd	nd	nd
Total		1,581 *	2,560 *	5	6 *	4 *	29 *

ARTICLE

2014 OPEN
doi:10.1038/nature13308

+/- 0.5Mbp

The genome of *Eucalyptus grandis*

biosíntesis de lignina, celulosa y xilano, peroxidadas y S-domain receptor-like kinasa (SDRLK)

Alexander A. Myburg^{1,2}, Dario Grattapaglia^{3,4}, Gerald A. Tuskan^{5,6}, Uffe Hellsten⁵, Richard D. Hayes⁵, Jane Grimwood⁷, Jerry Jenkins⁷, Erika Lindquist⁵, Hope Tice⁵, Diane Bauer⁵, David M. Goodstein⁵, Inna Dubchak⁵, Alexandre Poliakov⁵, Eshchar Mizrahi^{1,2}, Anand R. K. Kullán^{1,2}, Steven G. Hussey^{1,2}, Desre Pinard^{1,2}, Karen van der Merwe^{1,2}, Pooja Singh^{1,2}, Ida van Jaarsveld⁸, Orzenil B. Silva-Junior⁹, Roberto C. Togawa⁹, Marilia R. Pappas³, Danielle A. Faria³, Carolina P. Sansaloni³, Cesar D. Petrolí³, Xiaohan Yang⁶, Priya Ranjan⁶, Timothy J. Tschaplinski⁶, Chu-Yu Ye⁶, Ting Li⁶, Lieven Sterck¹⁰, Kevin Vanneste¹⁰, Florent Murat¹¹, Marçal Soler¹², Hélène San Clemente¹², Najib Saidi¹², Hua Cassan-Wang¹², Christophe Dunand¹², Charles A. Hefer^{8,13}, Erich Bornberg-Bauer¹⁴, Anna R. Kersting^{14,15}, Kelly Vining¹⁶, Vindhya Amarasinghe¹⁶, Martin Ranik¹⁶, Sushma Naithani^{17,18}, Justin Elser¹⁷, Alexander E. Boyd¹⁸, Aaron Liston^{17,18}, Joseph W. Spatafora^{17,18}, Palitha Dharmwardhana¹⁷, Rajani Raja¹⁷, Christopher Sullivan¹⁸, Elisson Romanel^{19,20,21}, Marcio Alves-Ferreira²¹, Carsten Külheim²², William Foley²², Victor Carocha^{12,23,24}, Jorge Paiva^{23,24}, David Kudrna²⁵, Sergio H. Brommonschenkel²⁶, Giancarlo Pasquali²⁷, Margaret Byrne²⁸, Philippe Rigault²⁹, Josquin Tibbits³⁰, Antanas Spokevicius³¹, Rebecca C. Jones³², Dorothy A. Steane^{32,33}, René E. Vaillancourt³², Brad M. Potts³², Fourie Joubert^{2,8}, Kerrie Barry⁵, Georgios J. Pappas Jr³⁴, Steven H. Strauss¹⁶, Pankaj Jaiswal^{17,18}, Jacqueline Grima-Pettenati¹², Jérôme Salse¹¹, Yves Van de Peer^{2,10}, Daniel S. Rokhsar⁵ & Jeremy Schmutz^{5,7}

Individuos portadores de QTL favorables (9 características)

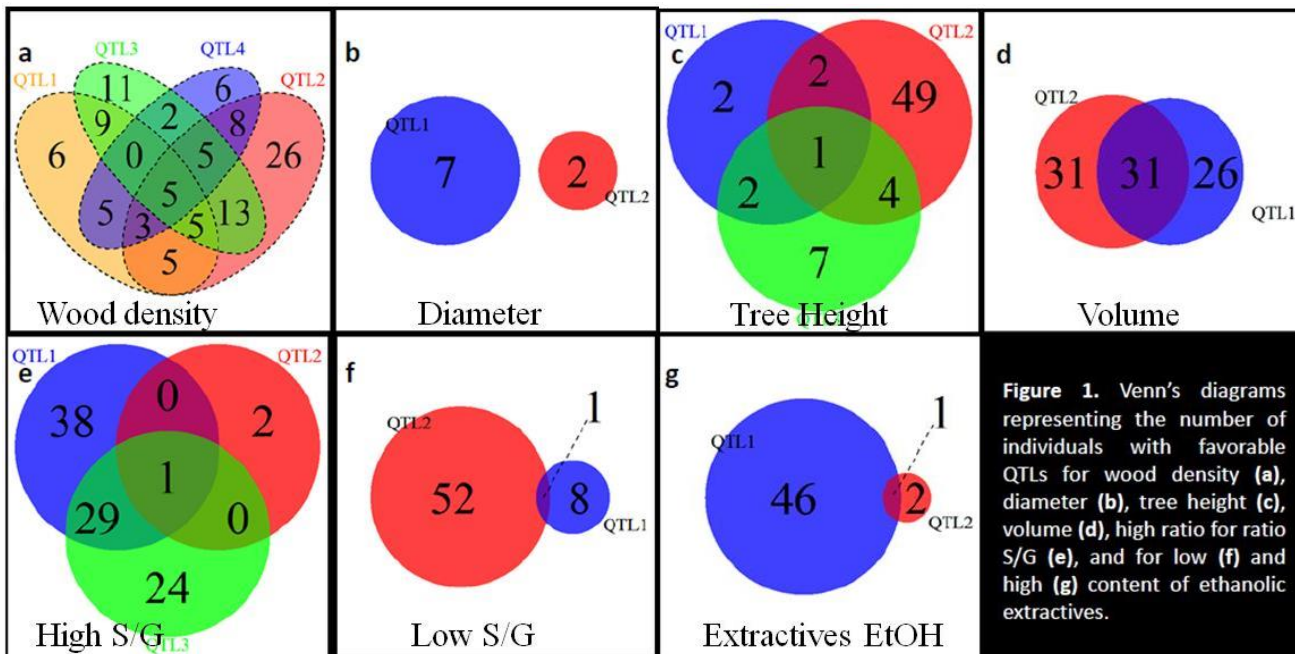


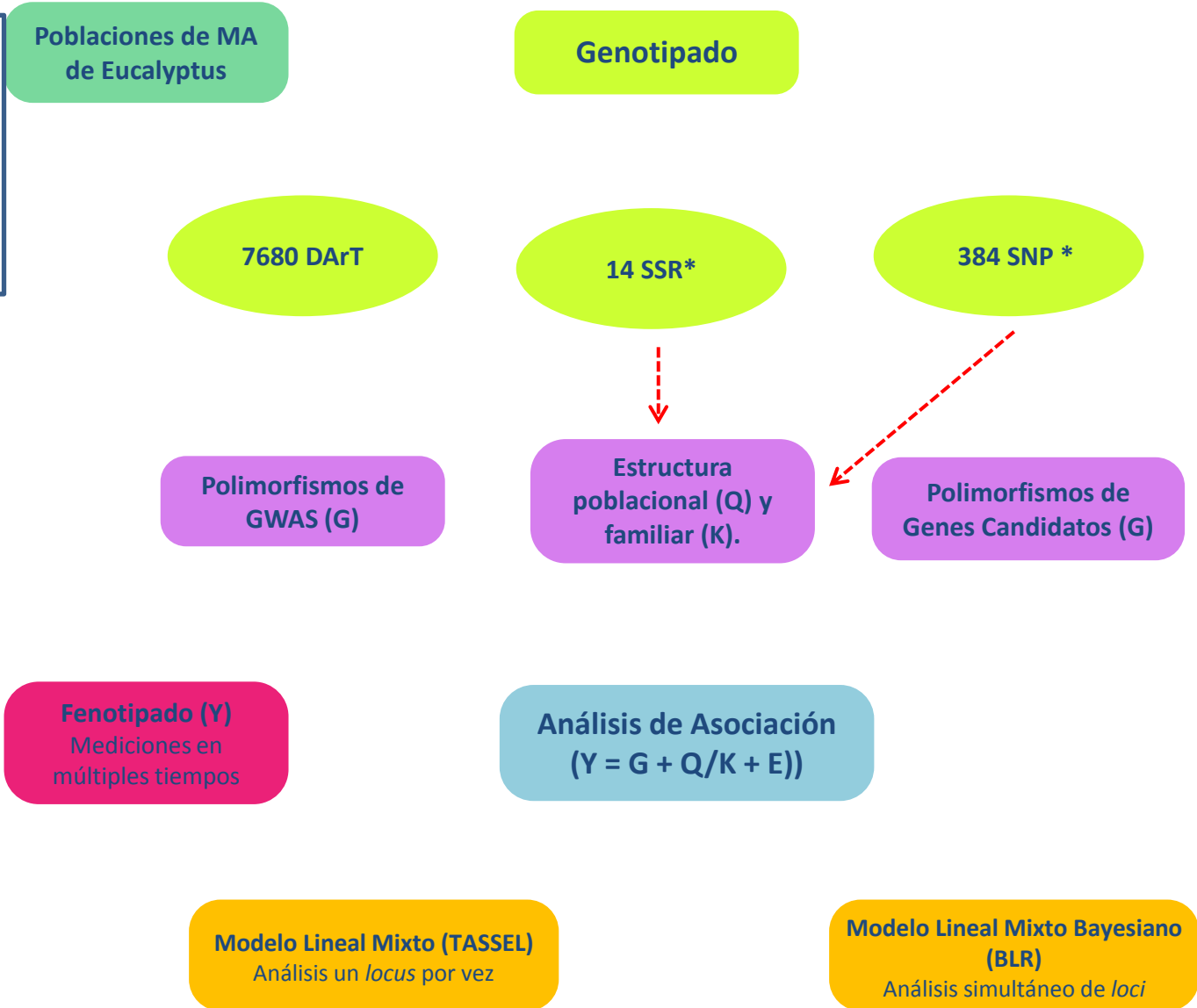
Figure 1. Venn's diagrams representing the number of individuals with favorable QTLs for wood density (a), diameter (b), tree height (c), volume (d), high ratio for ratio S/G (e), and for low (f) and high (g) content of ethanolic extractives.



Mapeo por Asociación (genoma amplio o “GWAS”)



ESQUEMA DE TRABAJO



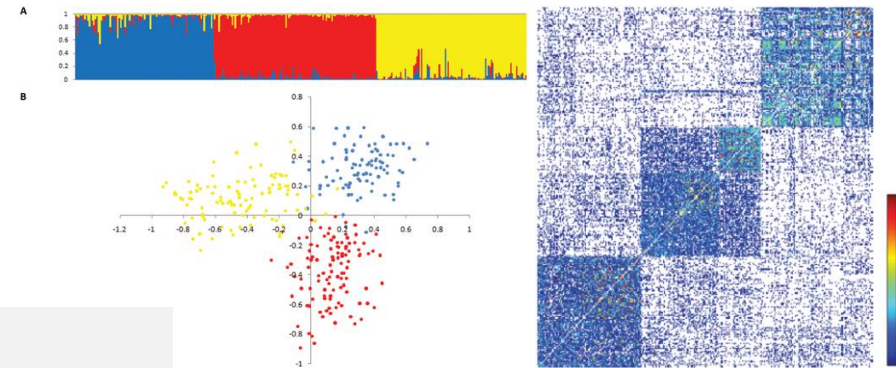
QTL y GWAS *Eucalyptus* ssp



Impacts of Population Structure and Analytical Models in Genome-Wide Association Studies of Complex Traits in Forest Trees: A Case Study in *Eucalyptus globulus*

Eduardo P. Cappa, Yousry A. El-Kassaby, Martín N. García, Cintia Acuña, Nuno M. G. Borralho, Dario Grattapaglia, Susana N. Marcucci Poltri

Published: November 25, 2013 • DOI: 10.1371/journal.pone.0081267



- *E. globulus* ($n = 303$), 2.364 (DArT)
- Crecimiento y características de madera
- GLM sin incluir estructura ni familias, vs 5 combinaciones Unified Mixed Model (**UMM**)
 - **UMM** fue el mejor
- 18 asociaciones entre marcadores y características
 - 16 para crecimiento (DAP) +2 para S/G ratio (chromosome 10, 1 Mbp del gen ferulate 5-hydroxylase (F5H))

QTL y GWAS *E. grandis*

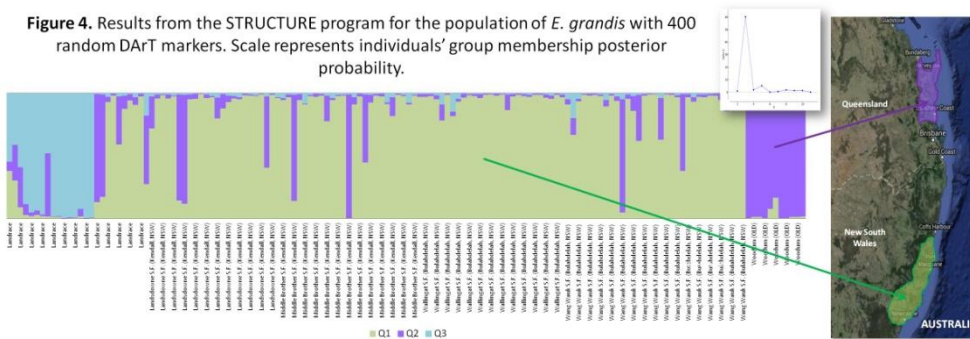
Association mapping study for wood quality traits in *Eucalyptus grandis*

First Latin-American Conference on
Plant Phenotyping and
Phenomics for Plant Breeding
November 30, December 1 & 2, 2015
Universidad de Talca, Talca, Chile

Pamela V. Villalba^{12*}, Janet A. Higgins^{3*}, Natalia C. Aguirre^{12*}, Cintia V. Acuña¹, Martín García¹², Eduardo P. Cappa²⁴, Javier Oberschelp⁵, Leonel Harrand⁵, Juan López⁶, Martín Marcó⁵, H. Esteban Hopp¹⁷, Norma Paniego¹, Susana Marcucci Poltri¹.

188 OP *E. grandis* - 3003 DaRT - 160 SNP polimórficos, productividad y forma del fuste

Figure 4. Results from the STRUCTURE program for the population of *E. grandis* with 400 random DaRT markers. Scale represents individuals' group membership posterior probability.



78 MTAs DaRT

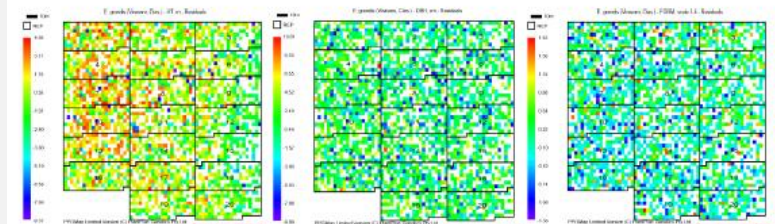
- 18 DaRT DBH
- 14 DaRT FORM
- 33 DaRT TH
- 13 DaRT VOL

7 MTAs SNP

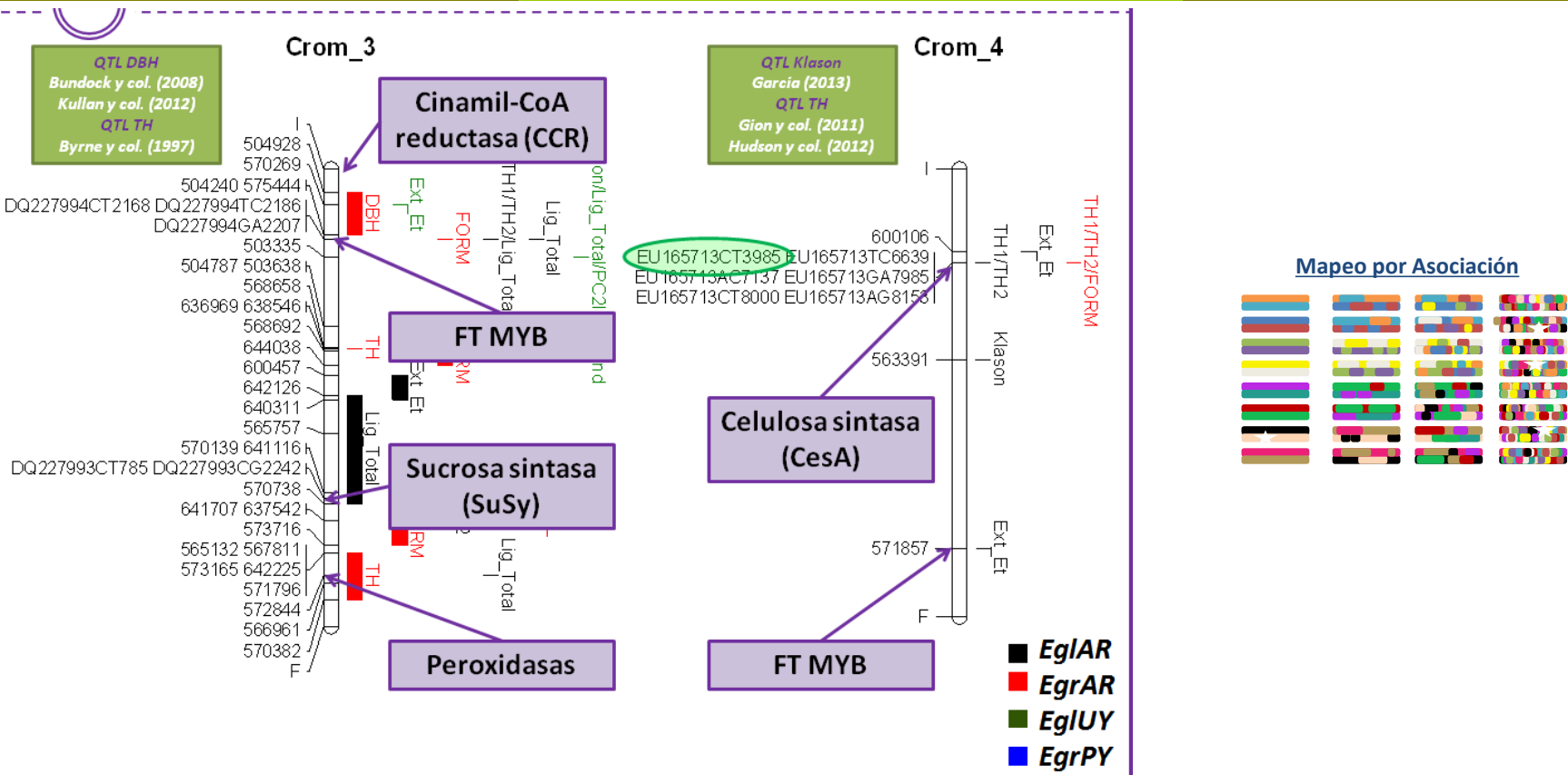
- 1 SNP DBH
- 2 SNP FORM
- 2 SNP TH
- 2 SNP VOL

- 85 asociaciones (Benjamini and Hochberg, 1995)
- 1.930 genes in silico (ventana de 1,2 kb del genoma)
- 53 genes relacionados a la síntesis de celulosa y lignina (e.g. Cesa, Susy, CCR and COMT genes), síntesis de peroxidasa y laccasa, factores de transcripción (MYB), MADS-Box y genes SDRLK genes (S-domain-Receptor-Like)

Figure 3. Spatial patterns of the correction of TH, DBH and FORM traits. Irregular patterns or lines are shown for TH



QTL y GWAS *Eucalyptus* ssp



Las estrategias de mapeo por asociación permitieron detectar en *E. globulus* y *E. grandis*, 243 marcadores (92 SNP y 146 DArT) asociados significativamente a varios caracteres

Población	EgrAR	EgrPY	EglAR	EglUY
Especie	<i>E.grandis</i>	<i>E.grandis</i>	<i>E.globulus</i>	<i>Eglobulus</i>
Tipo de material	OP	Clonal	OP	OP
País	Argentina	Paraguay	Argentina	Uruguay
N° total de árboles	2027	8485	4200	19380
N° de árboles ensayados	188	121	134	169
N° de familias OP	132	-	70	129
N° de árboles por familia	Desde 1 a 3.	-	Desde 1 a 2.	Desde 1 a 8.
N° de procedencias	13 orígenes Australianos y 3 ensayos locales.	Procedencia desconocida.	8 orígenes Australianos y 1 ensayo local.	8 orígenes Australianos y 2 ensayos locales.



Screening of 19.8 Mb of genomic sequence surrounding DArT markers associated to wood quality traits in *Eucalyptus globulus*



Recursos Genéticos e Biotecnología

Pamela V. Villalba^{1,2}, Janet Higgins³, Natalia C. Aguirre^{1,2}, Cintia V. Acuña¹, Martín García^{1,2}, Eduardo P. Cappa^{2,4}, María C. Martínez¹, Pablo Pathauer⁵, H. Esteban Hopp^{1,5}, Darío Grattana⁶, Norma Paniago¹, Susana Marcucci Poltril¹

44 asociaciones positivas:
 20 Lignina total
 7 lignina KLASON
 3 S/G.
 14 ET EXT
 33 DArTs mapearon en posición única

Gene	Chromosomes	Myburg <i>et al.</i> Classification	Annotation
Eucgr.A02481	Chr_1	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Plant disease resistance response protein
Eucgr.A02482	Chr_1	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Plant disease resistance response protein
Eucgr.A02484	Chr_1	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Plant disease resistance response protein
Eucgr.B01294	Chr_2	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Cullin, N-terminal
Eucgr.B01297	Chr_2	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Cullin, N-terminal
Eucgr.B01359	Chr_2	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Pentatricopeptide repeat
Eucgr.B01384	Chr_2	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	eRF1 domain 3
Eucgr.B01386	Chr_2	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Ubiquitin supergroup
Eucgr.C01724	Chr_3	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Toll-Interleukin receptor
Eucgr.C02078	Chr_3	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Nonaspanin (TM95F)
Eucgr.C03234	Chr_3	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	ThiJ/PfpI
Eucgr.D00403	Chr_4	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Protein of unknown function DUF594
Eucgr.D00958	Chr_4	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Heat shock protein DnaJ, N-terminal
Eucgr.D00969	Chr_4	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Zinc finger, RING-type
Eucgr.D00977	Chr_4	Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Protein of unknown function DUF794, plant
Eucgr.B01369	Chr_2	MADS and K-box / Interpro domain in 968 genes unique to eucalyptus	Transcription factor, MADS-boxEgrAGLS2
Eucgr.B01964	Chr_2	MYB	EgrMYB23
Eucgr.C02096	Chr_3	MYB	EgrMYB44
Eucgr.D02099	Chr_4	MYB	EgrMYB62
Eucgr.G01977	Chr_7	predicted cellulose and xylan genes	IRX10
Eucgr.G03380	Chr_7	predicted cellulose and xylan genes	CESA

60 genes (síntesis de celulosa y xilano: CesaA y las glicosiltransferasas; factores de transcripción MYB, genes MADS y K-Box, con genes de la síntesis de terpenos, de peroxidasas y lacasas)

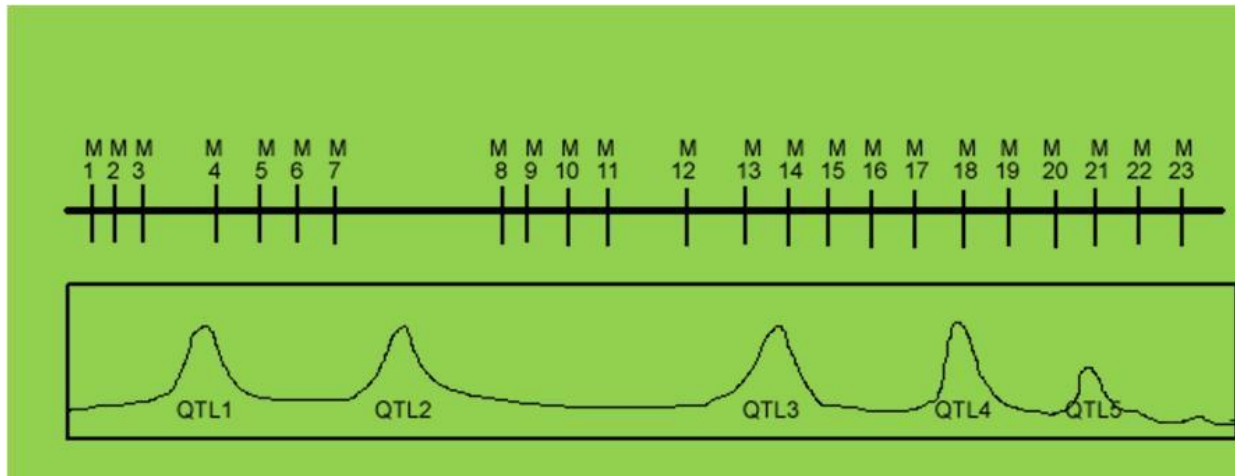
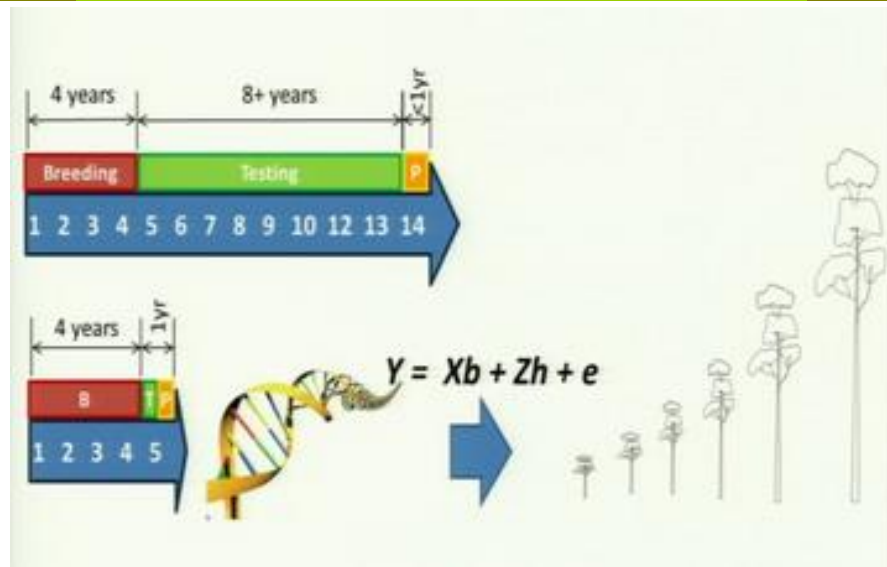
ONLINECONGRESS.IT

Tree Biotechnology 2015 Conference

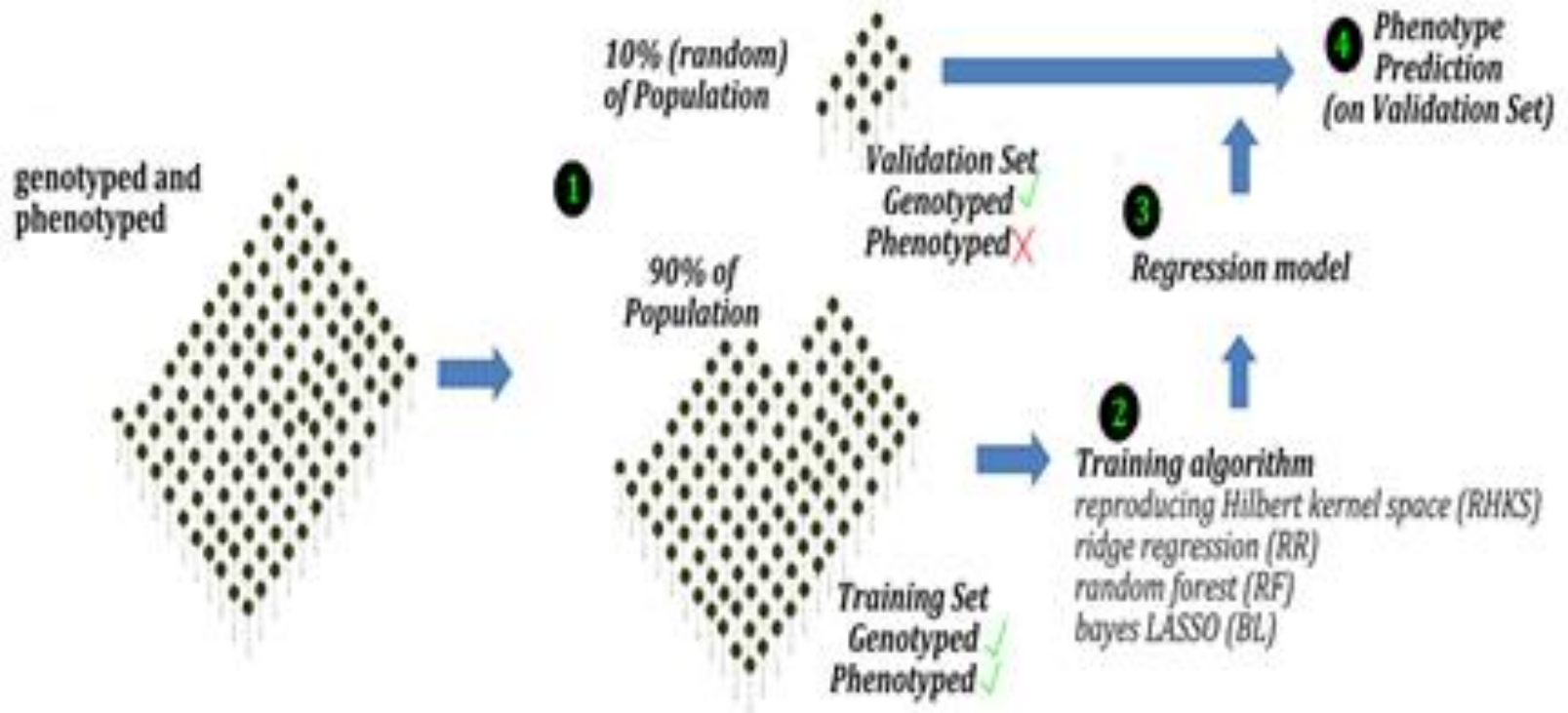
8-12 June 2015, Florence, Italy

"Forests: the importance to the planet and society"

Selección genómica



Selección genómica



- > Marcadores
- > Heredabilidad
- > relación entre pob de entrenamiento y validación
- > precisión

Selección Genómica en *E. dunnii*

- **Buenas características de madera para producción de pulpa y bioenergía:**
- **Menor susceptibilidad a bajas temperaturas que *E. grandis***
- **Rápido crecimiento**
- **Rectitud de fuste**
- **Densidad de la madera superior a la de *E. grandis*.**
- **Pulpa para papel**
- **Bioenergía**
- **Cultivo multi propósito**
- **Madera sólida: tablas (mejorando la **susceptibilidad al rajado**)**

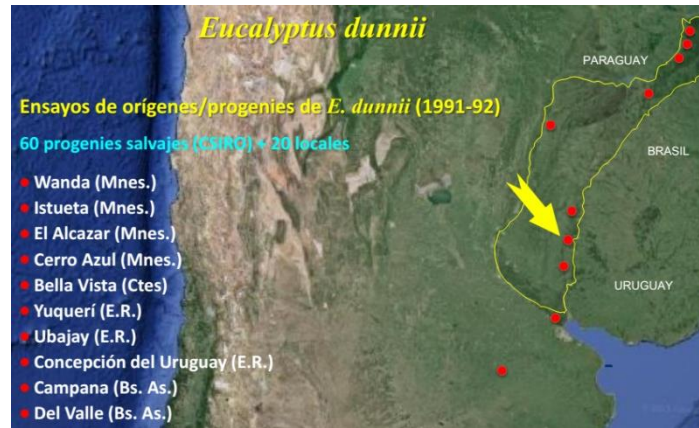
✓ Gran variación entre individuos

✓ Heredabilidad: 0.48 ± 0.21
(López, 2014)

✓ **Es posible su mejoramiento genético**



Selección Genómica en *E. dunnii*



Índice de Rajado
Productividad
NIR madera

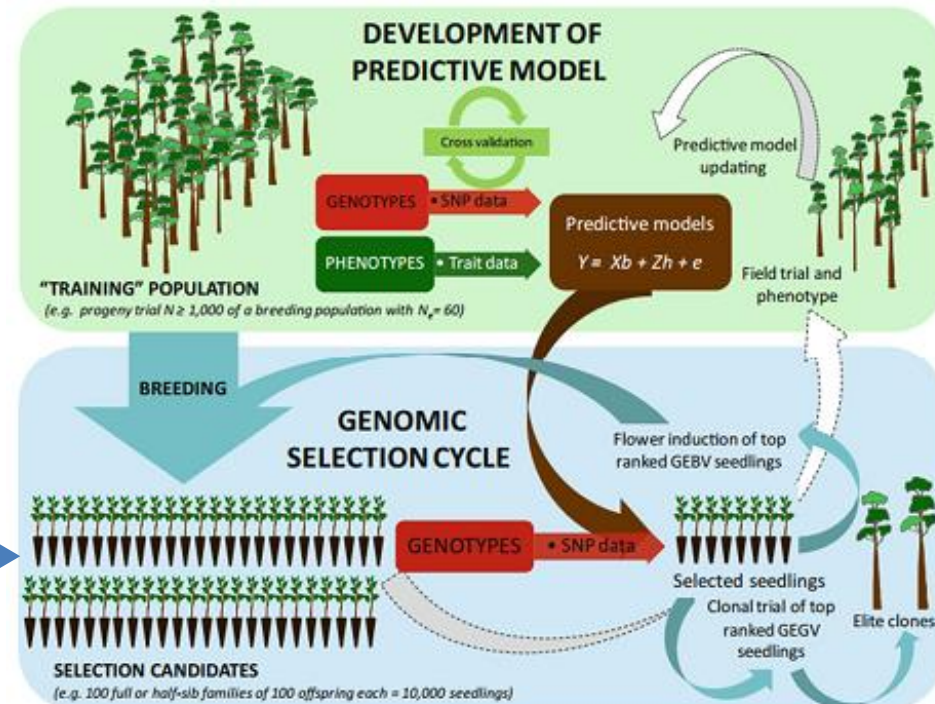
EUCHIP60K
GBS

Ubajay
1500 árboles
(1991)

Ubajay
317 árboles HSP

INTA Castelar
HSC

INTA
Castelar
Hijos



Diversidad genética de Pino Paraná (*Araucaria angustifolia*) en la Selva Paranaense: Análisis genómico mediante marcadores moleculares AFLPs



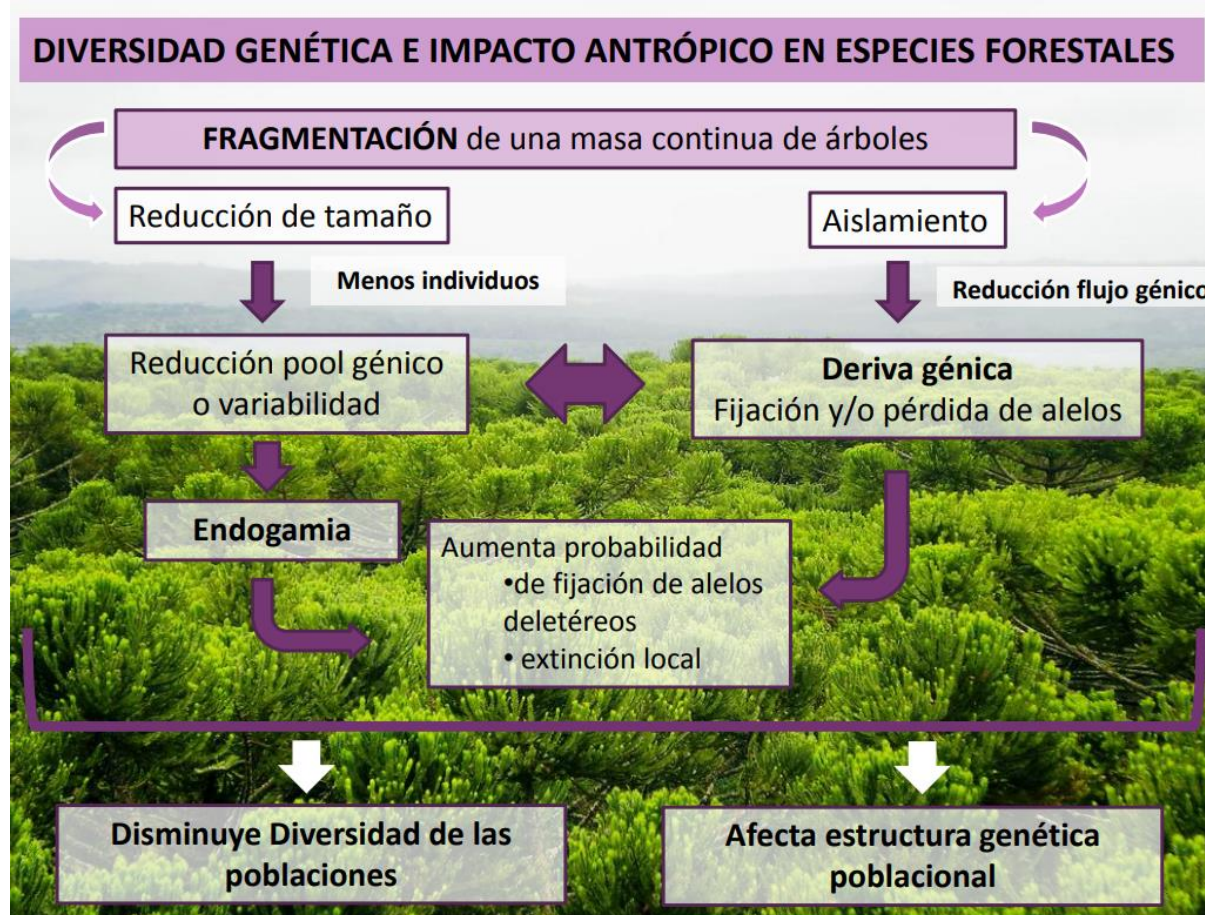
Objetivo :

caracterizar y cuantificar los niveles y distribución de la variabilidad genética molecular de **PNs (Poblaciones Nativas)** de *A. angustifolia* a través de su área de dispersión en Argentina, así como en las **RF-PLs (Plantaciones de la Reserva Forestal)**

- Hojas jóvenes de 323 ejemplares
- 10 Poblaciones o Sitios de colecta

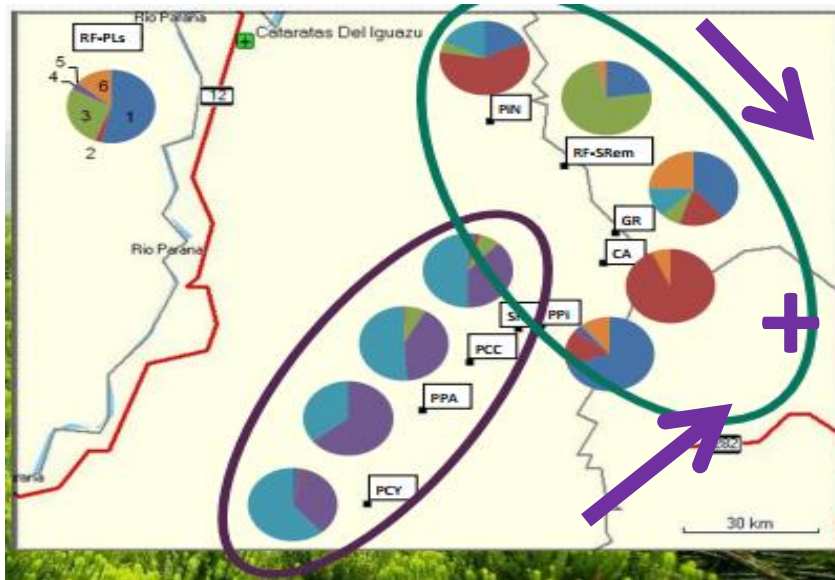
500 AFLP

Aguirre, Natalia, 2014



Inza-Aguirre et al, 2018. DOI:10.1007/s00468-018-1701-4

Diversidad *Araucaria angustifolia*



Población	Cd	N
Piñalito Norte	PiN	21
Selva Remanente de la Reserva Forestal (CAMB)	RF-SRem	26
Plantaciones de la Reserva Forestal (CAMB)	RF-PLs	82
Gramado	GR	28
Campiñas de América	CA	29
Parque Provincial El Piñalito	PPi	30
Santa Rosa	SR	20
Parque Provincial Cruce Caballero	PCC	31
Parque Provincial de la Araucaria	PPA	25
Parque Provincial Caá Yari	PCY	31

Menores niveles de Diversidad de *A. angustifolia* en Misiones respecto de Brasil

- Expansión desde Refugios glaciales en el Sur de Brasil donde se encuentra la mayor diversidad
- Extremo marginal oeste de su distribución**
- Ecotono entre Selva Paranaense y Bosque Húmedo de Araucaria - Declinación natural
- **Menor densidad de ind./ha** – Endogamia

Explotación forestal histórica

- Fragmentación forestal
- Baja capacidad reproductiva
 - Sobremadures
 - Baja calidad sanitaria

Diversidad de *Cedrela lilloi* (= *C. angustifolia*) en selva de las Yungas

Ecol Evol. 2012 November; 2(11): 2722–2736.

Published online 2012 September 28. doi: [10.1002/ece3.336](https://doi.org/10.1002/ece3.336)

PMCID: PMC350

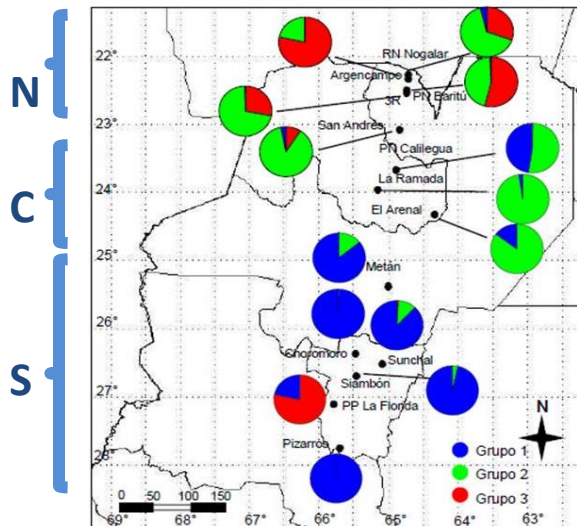
Effect of latitudinal gradient and impact of logging on genetic diversity of *Cedrela lilloi* along the Argentine Yungas Rainforest

Maria V Inza,¹ Noga Zelener,¹ Luis Fornes,² and Leonardo A Gallo³



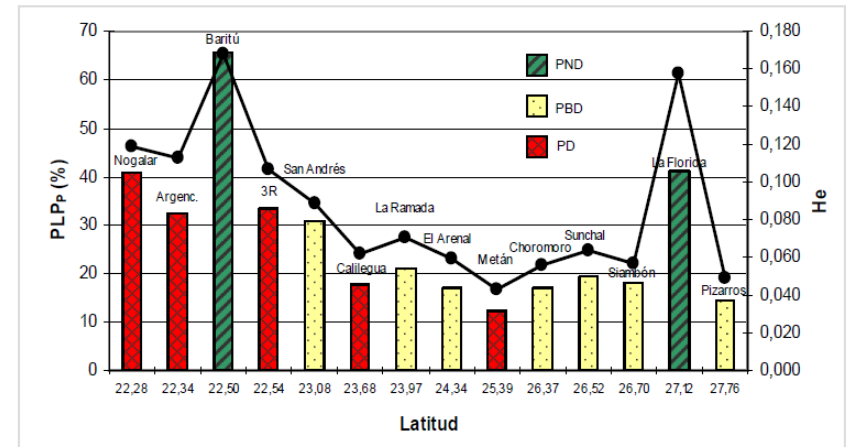
14 poblaciones nativas, 160 individuos , 293 AFLP (= *C. angustifolia*, peligro de extinción)

Figura 28: Porcentaje de participación de las 14 poblaciones de *C. lilloi* en los tres (3) grupos genéticos K detectados.



Distintas Unidades de Conservación de *C. lilloi*

Figura 18: Diversidad genética (PLP y He) de las 14 poblaciones de *C. lilloi* analizadas.



Las barras corresponden al porcentaje de *loci* polimórfico por población (PLP_p) y la línea entera con puntos a la heterocigosidad esperada (He). Con diferentes colores se indican las distintas categorías de disturbio de las poblaciones (PD= población disturbada; PBD= población con bajo disturbio; PND= población no disturbada).

Disminución de la variabilidad genética de *C. lilloi* en dirección norte-sur responde al patrón geográfico de distribución de la diversidad taxonómica de las Yungas.

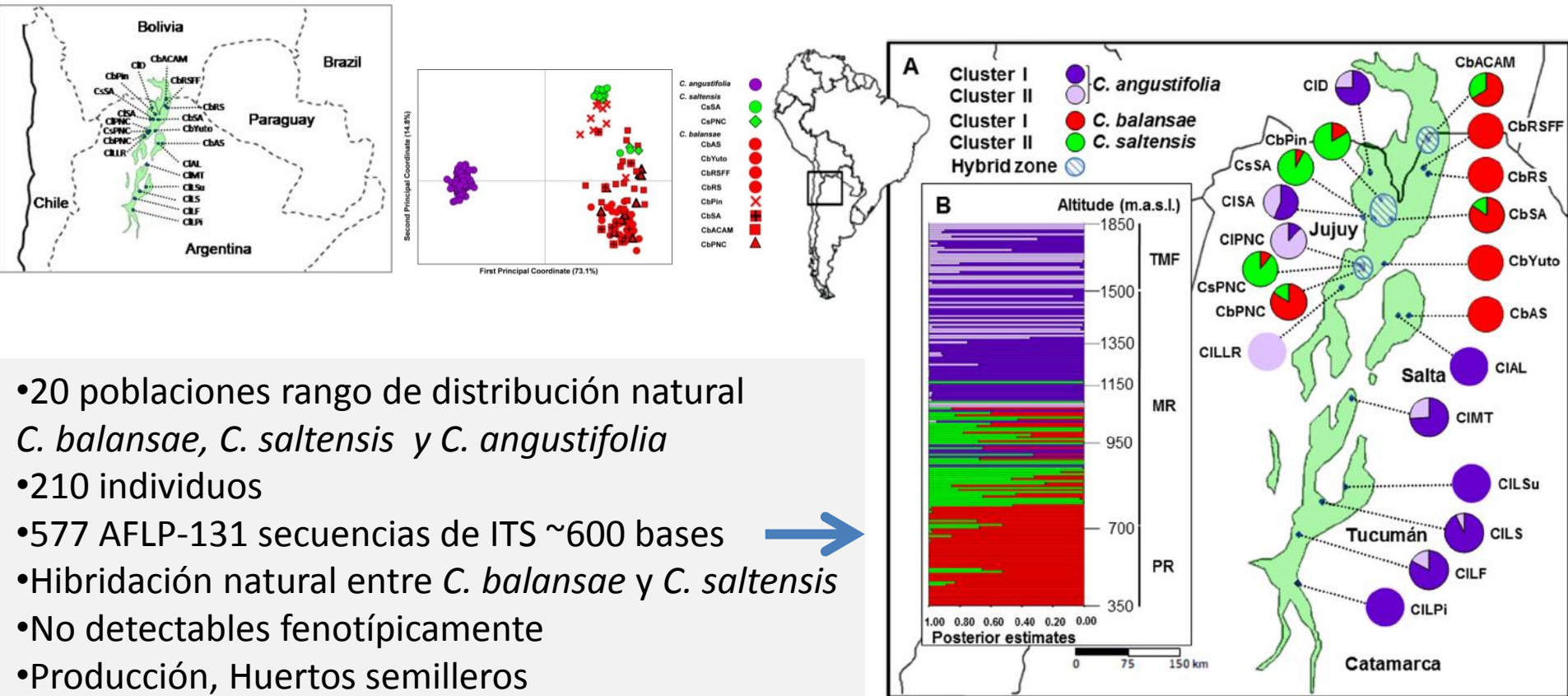
Evidencia molecular de zonas híbridas de *Cedrela* en las Yungas del NOA

Molecular evidence of hybrid zones of *Cedrela* (Meliaceae) in the Yungas of Northwestern Argentina



Noga Zelener^{a,*}, Daniela Tosto^b, Luiz Orlando de Oliveira^c, María Cristina Soldati^a, María Virginia Inza^a, Luis Fernando Fornes^d

Molecular Phylogenetics and Evolution 102 (2016) 45–55



- 20 poblaciones rango de distribución natural *C. balansae*, *C. saltensis* y *C. angustifolia*
- 210 individuos
- 577 AFLP-131 secuencias de ITS ~600 bases
- Hibridación natural entre *C. balansae* y *C. saltensis*
- No detectables fenotípicamente
- Producción, Huertos semilleros

Conservación del bosque

Knowing and Doing: Research Leading to Action in the Conservation of Forest Genetic Diversity of Patagonian Temperate Forests

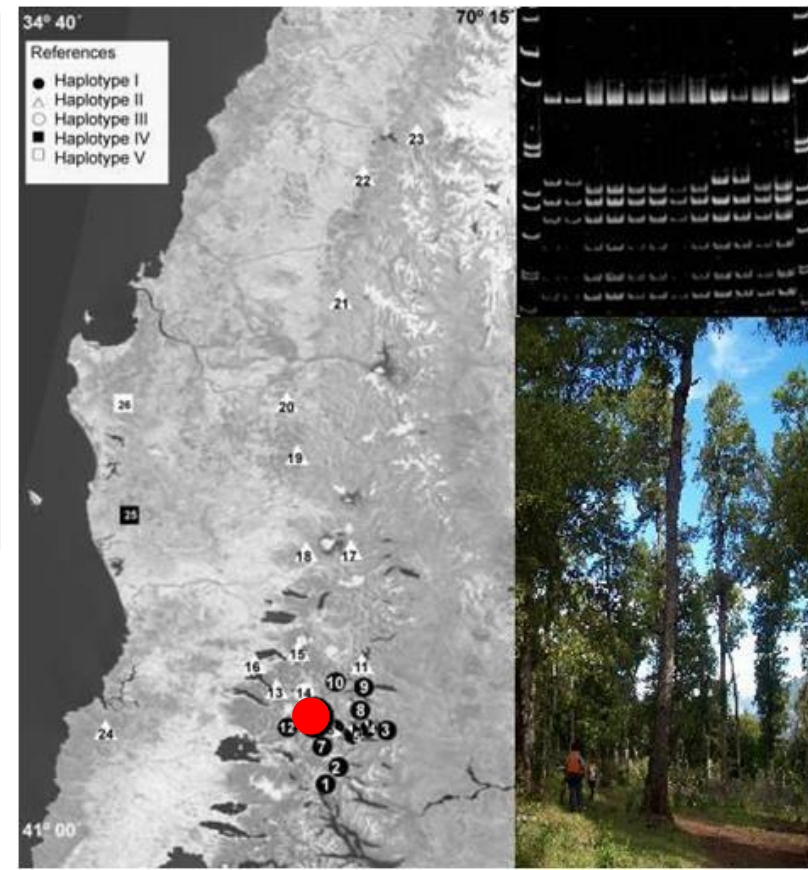
LEONARDO A. GALLO,*†† PAULA MARCHELLI,*† LUIS CHAUCHARD,‡
AND MARCELO GONZALEZ PEÑALBA§

29 poblaciones,
823 individuos
4 años
consecutivos
colección de
semillas

Isoenzimas, cloroplastos,
SSR
+
Variación de
características
adaptativas en ensayos
de procedencias y test
de progenies

*Parque Nacional Lanin cambia el estatus de
protección de esta área para evitar la tala.*

Nothofagus nervosa y N. oblicua





HACIA EL RESCATE GENÉTICO DEL SAUCE CRIOLLO (*SALIX HUMBOLDTIANA*)

Programa para su conservación y la restauración de ecosistemas ribereños patagónicos

Leonardo Gallo
gallo.leonardo@inta.gob.ar
INTA EEA Bariloche
Abel Martínez
INTA AER Zapala
Jorge Bozzi
INTA EEA Bariloche
Ivana Amico
INTA EEA Esquel
Marina Hansen
Jardin Botánico Bariloche

El sauce criollo es una de las especies arbóreas más amenazadas de la Patagonia debido principalmente a la modificación del hábitat para su regeneración, la invasión de las riberas por sauces exóticos e hibridación inter-específica con ellos. El INTA ha comenzado un programa de rescate genético en la Patagonia para conservar su diversidad y seleccionar genotipos para restauración de ecosistemas ribereños.

De los sauces que cubren casi la totalidad de la ribera de los ríos nordpatagónicos en un radio de 400 km alrededor de la ciudad de Bariloche, el 93 % pertenecen a un mismo clon femenino de la especie introducida *Salix x rubens* (*S. alba* x *S. fragilis*)

Desarrollo de SSR Alelos fijados que distinguen híbridos

- Modificación del hábitat propicio para su regeneración.
- Invasión del hábitat ribereño por parte de los clones de sauces exóticos introducidos por el hombre.
- Hibridación y probable introgresión y dilución genética con los clones exóticos

Usos en nuestro país:

artesanal (ramas flexibles para cestería), ornamental, protección de costas, maderable (barriles, postes, muebles, cajones, ebanistería), forrajero para ganado, producción de miel y propóleos (flores y polen), combustible (leña y carbón), construcción rural (postes), medicinal.

La madera es, en general, blanca en la parte exterior y rosada o rojiza en la parte interior del tronco.

La densidad superando las densidades de las otras especies y clones de sauces introducidos, aún de los utilizados en programas de mejora

Zonas genéticas de Raulí y Roble

Forest Ecology and Management 302 (2013) 414–424

Contents lists available at SciVerse ScienceDirect

Forest Ecology and Management

journal homepage: www.elsevier.com/locate/foreco



Management of *Nothofagus* genetic resources: Definition of genetic zones based on a combination of nuclear and chloroplast marker data

M.M. Azpilicueta^{a,*}, L.A. Gallo^a, M. van Zonneveld^b, E. Thomas^b, C. Moreno^a, P. Marchelli^{a,c}

749 adultos y 74 plántulas

24 poblaciones: (14 *N. nervosa* (486 individuos) y 10 de *N. obliqua* (337 individuos);

34.3 ± 5.0 individuos promedio por población

7 nSSR, cpADN, isoenzimas

Estructura genética métodos bayesianos, riqueza alélica

Manejo productivo y de conservación

Acciones de migración asistida

Definición de áreas prioritarias para la conservación

restauración y/o plantación,
>probabilidad de buena adaptación y
<riesgo de contaminación genética.

Zonas genéticas de Raulí

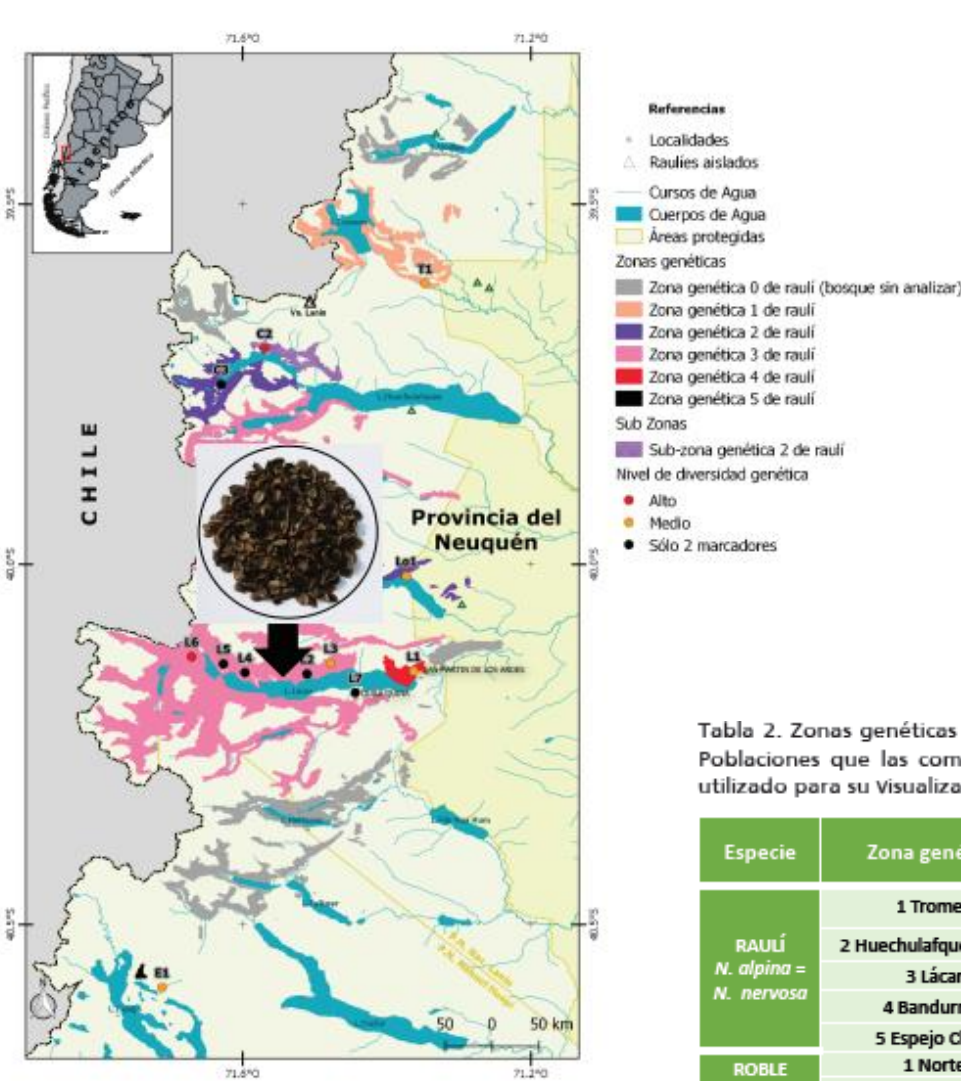


Figura 9. Provisión de semilla por zona genética identificada en raulí.

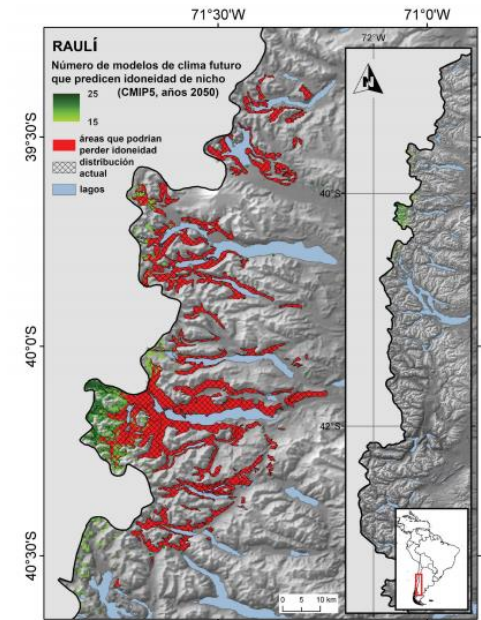


Figura 11. Distribución a futuro modelada para raulí según predicciones de cambio climático para el año 2050 considerando el escenario RCP 4.5 del CMIP5.

Tabla 2. Zonas genéticas definidas para raulí y roble pellín a ser utilizadas como fuente segura de semilla. Poblaciones que las componen, cuencas de localización y color de identificación de las zonas genéticas utilizado para su Visualización en los mapas de las figuras 7 y 8.

Especie	Zona genética	Poblaciones	Cuencas	Color en el mapa
RAULÍ <i>N. alpina</i> = <i>N. nervosa</i>	1 Tromen	T1	Tromen	NARANJA
	2 Huechulafquen-Lolog	C2-C3-Lo1	Curruhué-Huechulafquen y Lolog	VIOLETA
	3 Lácar	L2-L3-L4-L5-L6-L7-Lo2-C1	Lácar, Lolog y Curruhué	ROSADO
	4 Bandurrias	L1	Lácar	ROJO
	5 Espejo Chico	E1	Espejo	NEGRO
ROBLE PELLÍN <i>N. obliqua</i>	1 Norte	E1-Q1-Ñ1-P1	Epulauquen, Ñorquinco, Quillén y Aluminé	VIOLETA
	2 Bandurrias	L1	Lácar	MARRÓN
	3 Lácar	L2-L3-L4-L5-L6	Lácar	NARANJA

Zonas genéticas de Raulí

Tabla 3. Poblaciones analizadas de raulí y roble pellín para los tres marcadores genéticos, cuenca en la que se localizan y ubicación geográfica. Categoría de diversidad genética alcanzada por marcador y para la combinación de los tres, con el color de identificación de nivel de diversidad usado en las figuras 7 y 8.

Especie	Cuenca	Población	ID	Latitud (S)	Longitud (O)	Altitud (m snm)	I	M	CP	Diversidad combinada	Jurisdicción
RAULÍ <i>N. alpina = N. nervosa</i>	Espejo	Espejo Chico	E1	40°34'48"	71°43'12"	1000	B	A	B	MEDIA	PN Nahuel Huapi
		Bandurrias	L1	40°09'00"	71°21'00"	980	A	B	B	MEDIA	PN Lanín
	Lácar	Quillanlahue	L3	40°08'18"	71°28'04"	913	B	A	B	MEDIA	PN Lanín
		Hua Hum	L6	40°07'55"	71°40'02"	940	A	A	A	ALTA	PN Lanín
	Lobg	Puerto Arturo	Lo1	40°01'12"	71°22'48"	850	B	A	B	MEDIA	PN Lanín
		Boquete	Lo2	40°01'12"	71°35'24"	720	A	A	B	ALTA	PN Lanín
	Curruhué- Huechulafquen	Curruhué	C1	39°51'00"	71°29'26"	970	B	A	B	MEDIA	PN Lanín
		Lanín	C2	39°42'16"	71°34'15"	970	A	A	B	ALTA	PN Lanín
	Tromen	Tromen	T1	39°36'00"	71°19'48"	1100	B	A	B	MEDIA	PN Lanín
	ROBLE PELLÍN <i>N. obliqua</i>	Lácar	Bandurrias	L1	40°09'00"	71°21'00"	850	B	A	B	MEDIA
Yuco			L2	40°09'07"	71°30'39"	930	B	B	B	BAJA	PN Lanín
Nonthué			L4	40°08'46"	71°37'03"	680	B	A	B	MEDIA	PN Lanín
Hua Hum			L5	40°07'55"	71°40'02"	670	B	B	B	BAJA	PN Lanín
Quila Quina			L6	40°10'40"	71°26'37"	983	A	B	A	ALTA	PN Lanín
Quillén		Corral Bueyes	Q1	39°22'16"	71°17'31"	1140	B	A	B	MEDIA	PN Lanín
Ñorquinco		Seccional	Ñ1	39°09'11"	71°15'03"	1071	A	A	B	ALTA	PN Lanín
Aluminé		Pilo III	P1	39°30'05"	70°57'44"	836	B	B	B	BAJA	Dir. Bosques Neuquén (privado)
Epulauquen		Epulauquen	E1	36°49'09"	71°04'07"	1500	A	A	A	ALTA	Reserva Pcial. de Neuquén

Reforestación Cerro Otto

<https://inta.gob.ar/videos/reforestacion-en-el-cerro-otto>

<https://www.youtube.com/watch?v=zKkHrY9aoqw>

18 de octubre de 2018 / VIDEO

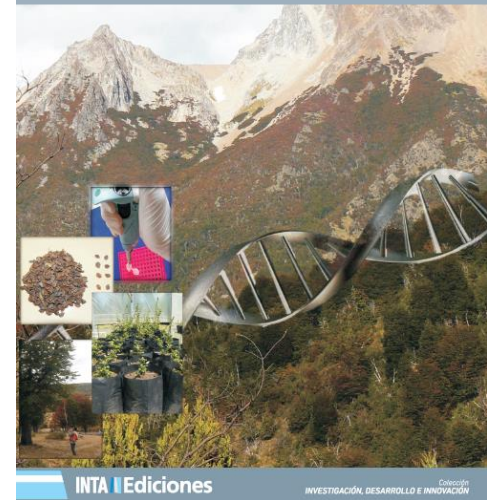
Reforestación en el Cerro Otto

En la ladera sur del cerro Otto en Bariloche aún hoy se ven los esqueletos de añejos árboles afectados por dos grandes incendios en los últimos 23 años. En ese lugar volverán a crecer árboles nativos a través de un plan de reforestación que comenzó con la plantación de especies nativas en dos áreas afectadas por eso incendios.

Zonas genéticas de Lengua y Ñire en Argentina

y su aplicación en la conservación y manejo de los recursos forestales

Carolina Soliani y Paula Marchelli



Diversidad de Palo Santo

Biological Journal of the Linnean Society, 2018, XX, 1–20. With 9 figures.

Genetic and climatic approaches reveal effects of Pleistocene refugia and climatic stability in an old giant of the Neotropical Dry Forest

GONZALO A. CAMPS^{1,2}, ENRIQUE MARTÍNEZ-MEYER^{3,4}, ANIBAL R. VERGA¹,
ALICIA N SÉRSIC^{2†} and ANDREA COSACOV^{2†*}

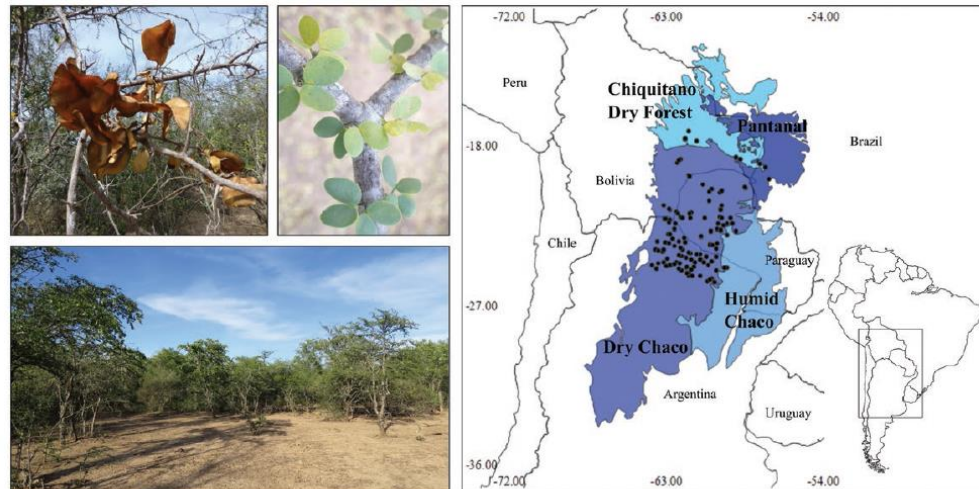


Figure 1. Geographical distribution area of *Bulnesia sarmientoi*. Left: fruits, leaves and trees of *B. sarmientoi*, in a particular vegetation formation called 'palosantal'. Right: partial map of South America showing the ecoregions (in blue hues) where the species is distributed. The Gran Chaco Americano comprises the Dry Chaco and Humid Chaco. Black points: presence points of *B. sarmientoi*. Ecoregions correspond to those of [Olson et al. \(2001\)](#).

AND de cloroplastos:
trnL-trnF, rpl32_F-trnL (**Más variables**)

trnD-trnT, trnH-psbA, rpl32_R-ndhF,
rps2_47F-rps2_661R y 8for-1525rev
(**Menos variables**)

144 *B. sarmientoi* individuos,
25 localidades, 6/ localidad,
> 80 m área de distribución *B. sarmientoi*.

Diversidad de Palo Santo

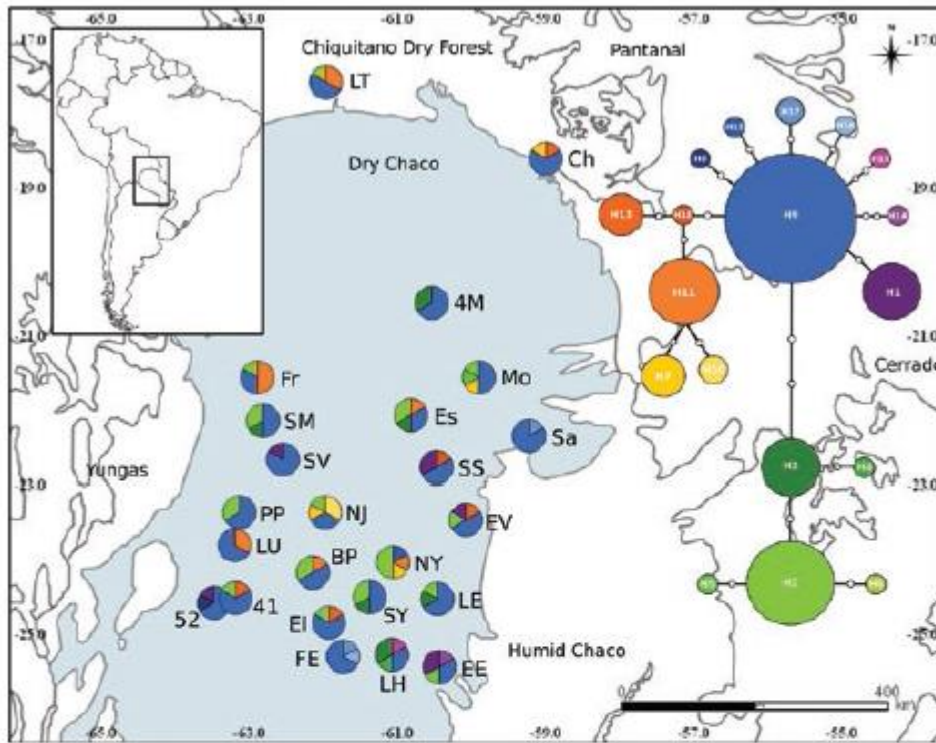


Figure 2. Geographical distribution and genealogical relationships among haplotypes recovered from 24 populations of *Bulnesia sarmientoi*. On the map, pie charts show the haplotype frequency in each population. Haplotype colours correspond to those shown in the network on the right. In the network, haplotypes are designated with numbers, and circle sizes are proportional to haplotype frequency. Codes are given in Table 1.

Los Bosques Secos sufrieron eventos de **expansión de la población** durante los **períodos glaciales**, mientras que han sufrido **estancamiento poblacional** durante los **períodos interglaciales**. Identificación de **área de refugio putativo en El Chaco seco** que ha sido climáticamente estable a lo largo del tiempo, consistente con el **área de mayor diversidad genética** y con la localización espacial del óptimo climático de las especies focales.

Grupo de Investigación del IB: Genómica Forestal

Dra. Susana Marcucci Poltri (investigadora INTA)

Dra. Cintia Acuña (investigadora INTA)

Dr. Martín García (Investigador CONICET)

Dra. M. Carolina Martínez (investigadora INTA)

Dra. Pamela Villalba (Investigadora CONICET)

Dr. Gabriel Rivas (Consultor)

Lic. Natalia Aguirre (Beca Doctoral CONICET)

Dr. Esteban Hopp (Investigadora INTA)

Colaboradores:

EEA Montecarlo (Misiones): Patricia Schmid, Gustavo Rodríguez, Ma. Elena Gauchat, et al

EEA Concordia (Entre Ríos): Leonel Harrand, Javier Oberschelp, Pamela Alarcón, Martín Marcó

EEA Bella Vista (Corrientes): Juan López, Javier López et al

EEA Bariloche (Río Negro): Leonardo Gallo et al

EEA Delta (Bs. As.): Silvia Cortizo, Teresa Cerrillo

IFRGV-CIAP: Aníbal Verga, Diego López Lauenstein et al

Instituto de Recursos Biológicos, CIRN: Susana Torales, Eduardo Cappa, Pablo Pathauer et al

Unidad de Genómica (UGB-IB): Andrea Puebla, Verónica Nishinakamasu, Pablo Vera, Natalia Aguirre, Luis Fernández

Unidad de Bioinformática (UGB-IB): Norma Paniego, Máximo Rivarola, Sergio González

Asesor: Leonardo Ornella



PN INTA

PICTS

BiotecSur

Proyecto BIRF LN 7520 AR - Manejo Sustentable
de Recursos Naturales

Muchas gracias!!