

Diversidad y estructura genética de *Prosopis affinis* (Leguminosae) en paisajes fragmentados: implicancias para su manejo y conservación

María Cristina Soldati¹, Noga Zelener², Matías Morale³,
María Florencia Pomponio⁴, Gregorio Gavier Pizarro⁵

Palabras Clave: *Prosopis affinis*, marcadores moleculares, fragmentación

Introducción

La deforestación de los bosques nativos es una de las principales causas de pérdida de biodiversidad. En Argentina, la deforestación está vinculada principalmente a los cambios en el uso de la tierra a partir de la expansión de la frontera agrícola y el aprovechamiento forestal. En la provincia de Entre Ríos, la fragmentación forestal resultante afecta negativamente a gran parte de sus especies forestales, entre ellas *Prosopis affinis* (ñandubay), árbol nativo de amplia distribución en la región fitogeográfica del espinal. Esta especie tiene un alto valor para las comunidades locales, con propiedades madereras, medicinales, nutricionales y químicas (Harris 1998). El objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad y los niveles de estructura genética de *P. affinis* en un paisaje fragmentado, en Entre Ríos, Argentina.

Materiales y métodos

Se examinaron 173 individuos de *P. affinis* distribuidos en 16 fragmentos de bosque nativo (Figura 1), dentro de un gradiente de intensificación agrícola en el centro-oeste de la provincia de Entre Ríos. La extracción de ADN genómico a partir de material vegetal desecado, se llevó a cabo siguiendo el protocolo de Hoisington et al. (1994) con modificaciones menores desarrolladas en nuestros laboratorios. Se utilizaron 12 marcadores SSR, transferidos desde especies filogenéticamente cercanas (Mottura et al. 2005; Bessega et al. 2014; Alves et al. 2014) y 327 loci polimórficos AFLP, obtenidos a partir de una combinación de primers, para estimar distintos parámetros descriptivos de la diversidad (He, NBP y Ae) y estructuración genética de la especie, así como también el número óp-

timo de grupos genéticos "K". Para esto se utilizaron los programas GenALEX 6.3 (Peakall & Smouse 2006) y Structure 2.3.4 (Pritchard et al. 2000; Falush et al. 2007). Las distancias genéticas entre los individuos y su agrupación (UPGMA) fueron estimadas también a partir de estos datos genéticos, utilizando el software NTSyS 2.0 (Rohlf et al. 1998).

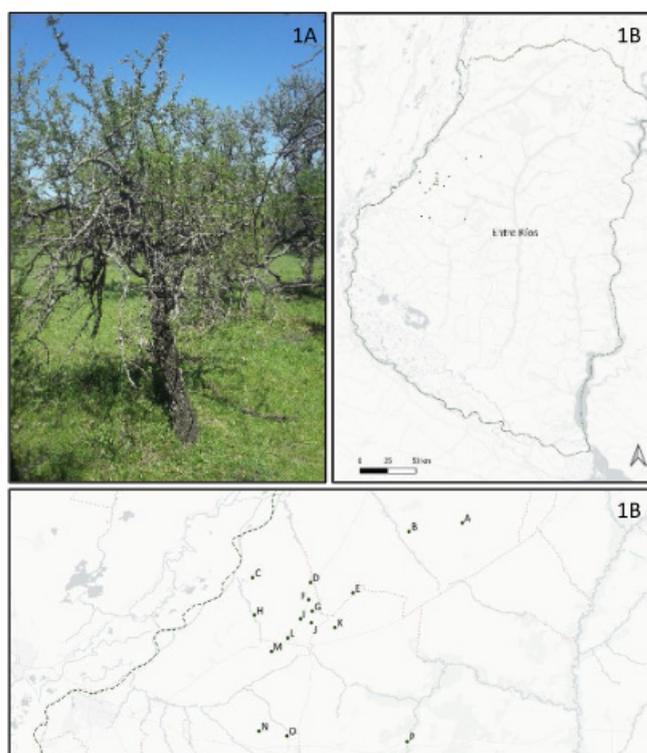


Figura 1A: individuo de *P. affinis* muestreado. Figura 1B: puntos de muestreo (16 fragmentos de bosque nativo dentro de un gradiente de intensificación agrícola, en el centro y norte de la provincia de Entre Ríos, Argentina).

Resultados, Discusión y Conclusiones

Se evaluó la diversidad genética de Nei, siendo baja a moderada en ambos casos (He-SSR: 0,734 / He-AFLP:

1 Instituto de Recursos Biológicos, INTA. Contacto: soldati.maria@inta.gob.ar.

2 Centro de Investigación en Recursos Naturales, INTA. Contacto: zelener.noga@inta.gob.ar.

3 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas / Instituto de Recursos Biológicos, INTA. Contacto: morales.matias@inta.gob.ar.

4 Instituto de Recursos Biológicos, INTA. Contacto: pomponio.florencia@inta.gob.ar.

5 Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales, INTA. Contacto: gavier.gregorio@inta.gob.ar.

Tabla 1: Parámetros de diversidad genética obtenidos a través de marcadores SSR y AFLP para *P. affinis*. He_{SSR} : Heterocigosidad esperada obtenida a través de SSRs. He_{AFLP} : Heterocigosidad esperada obtenida a través de AFLPs. Ae: Alelos exclusivos. NBP: número de bandas privadas.

Fragmentos de BN	Lat.	Long.	He_{SSR}	He_{AFLP}	Ae	NBP
A	-31,249	-59,455	0,883	0,286	8	13
B	-31,272	-59,606	0,869	0,271	5	17
C	-31,397	-60,052	0,889	0,266	8	9
D	-31,409	-59,888	0,867	0,281	6	10
E	-31,436	-59,766	0,799	0,243	3	9
F	-31,456	-59,893	0,732	0,235	4	8
G	-31,487	-59,883	0,767	0,224	0	5
H	-31,497	-60,047	0,698	0,209	1	3
I	-31,508	-59,917	0,673	0,201	0	5
J	-31,517	-59,885	0,669	0,179	1	2
K	-31,529	-59,817	0,687	0,150	2	2
L	-31,557	-59,951	0,681	0,131	0	2
M	-31,594	-60,000	0,692	0,134	0	0
N	-31,808	-60,034	0,665	0,129	0	0
O	-31,821	-59,955	0,598	0,123	0	0
P	-31,837	-59,612	0,578	0,108	0	0
Promedio	-	-	0,734	0,214	2,71	5,31
ds	-	-	0,100	0,058	2,9	5,1

0,214), encontrándose mayores niveles de variabilidad genética en los parches de bosque menos fragmentados dentro del gradiente. El número de alelos exclusivos y el número de bandas privadas fue bajo (Ae: 0-8 / NBP: 0-17, particularmente en áreas con mayores niveles de aislamiento potencial (Tabla 1). Ambos marcadores revelaron una diferenciación genética de moderada a alta entre los fragmentos de bosque estudiados (SSR θ_p : 0.198 / AFLP Fst: 0.178).

El análisis de la estructura poblacional por métodos

de agrupamiento bayesiano, a través de ambos marcadores moleculares, nos permitió distinguir dos clusters genéticos ($K = 2$, Figura 2). La distancia genética de Nei entre los fragmentos fue moderada, con un valor promedio de 0,394 para los marcadores SSR.

Estos resultados muestran que existe un efecto de la fragmentación del paisaje sobre el genético de los individuos remanentes de *P. affinis*. Esto se ve claramente en los niveles de diversidad genética observados en los distintos parches de monte nativo, donde aquellos

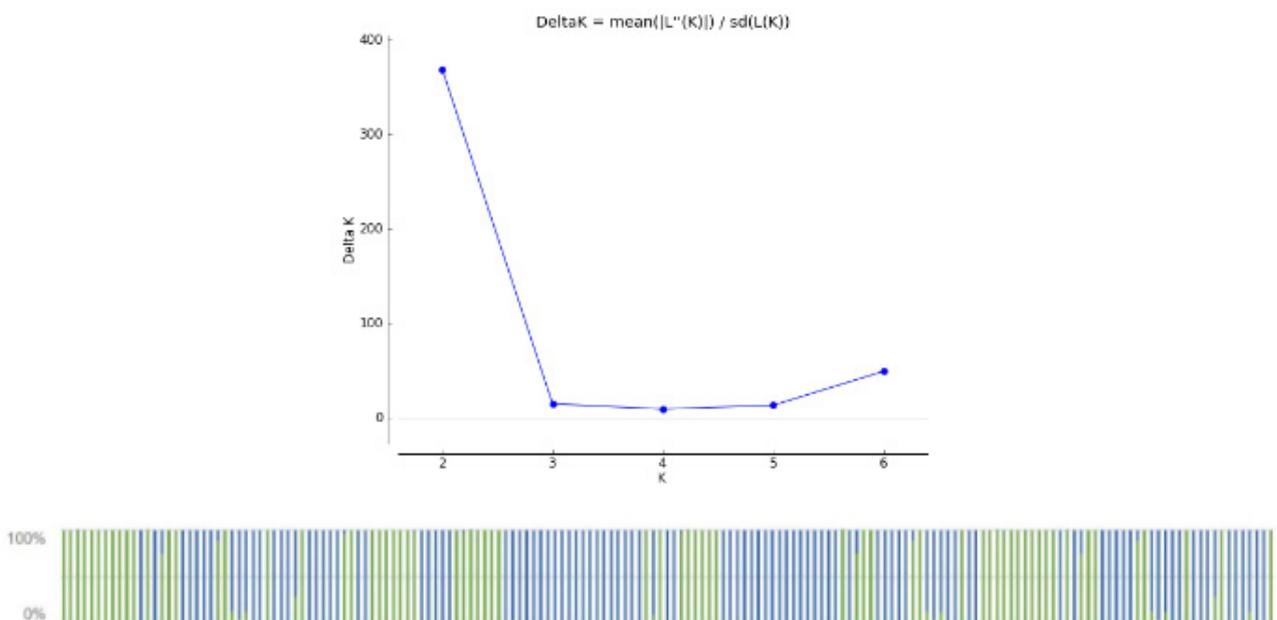


Figura 2: Número y distribución de clusters o grupos genéticos observados en 173 individuos de *P. affinis* ($K = 2$).

con un mayor nivel de antropización / intensificación manifestaron los menores niveles de diversidad genética, como así también un menor número de alelos / bandas exclusivas.

La variabilidad genética presente en una especie a lo largo de un gradiente de estrés ambiental puede ser un indicador valioso de su estado de conservación, ya que puede evidenciar procesos de pérdida de diversidad genética. A medida que el proceso de fragmentación avanza, el tamaño de los fragmentos remanentes se reduce y disminuye la conectividad entre los mismos, provocando la reducción del flujo génico, con consecuencias directas sobre su diversidad genética (Lowe et al., 2005). Por otra parte, los organismos que permanecen en los fragmentos de bosque están expuestos a condiciones diferentes a las de origen, particularmente en el borde del fragmento, determinando un impacto mayor en árboles afectados por el efecto de borde (Di Bitteti et al., 2003). En el corto plazo, se pierden variantes genéticas presentes a bajas frecuencias sin cambios considerables sobre la diversidad genética en su conjunto. Sin embargo, si los procesos de deforestación y fragmentación persisten, en el largo plazo se pierden alelos presentes en mayor frecuencia, reduciendo la diversidad genética (Caujapé Castells, 2006). En particular para *P. affinis*, la pérdida de variabilidad genética y los niveles de estructuración genética observados como resultado de la antropización del hábitat, podrían limitar la capacidad de la especie para adaptarse a las condiciones ambientales futuras (nuevas prácticas de uso de la tierra, cambio climático), comprometiendo su uso potencial, manejo y conservación.

Bibliografía Citada

Alves FM, Zucchi MI, Azevedo-Tozzi AMG, Sartori ALB, Souza AP. 2014. Characterization of microsatellite markers developed from *Prosopis rubriflora* and *Prosopis ruscifolia* (Leguminosae - Mimosoideae), legume species that are used as models for genetic diversity studies in Chaquenan areas under anthropization in South America. BMC Research Notes 7: 375.

Besega CF, Pometti CL, Miller JT, Watts R, Saidman BO, Vilardi JC. 2013. New Microsatellite Loci for *Prosopis alba* and *P. chilensis* (Fabaceae). Applications in Plant Sciences 1(5): 1200324.

Caujapé Castells J. 2006. Brújula para botánicos desorientados en la genética de poblaciones. Departamento de biodiversidad molecular y banco de ADN, Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo", Gran Cana-

ria, España. Exegen Ediciones. pp. 133

Di Bitteti MS, Placci G, Dietz LA. 2003. Una Visión de Biodiversidad para la Ecorregión del Bosque Atlántico del Alto Paraná: Diseño de un Paisaje para la Conservación de la Biodiversidad y prioridades para las acciones de conservación. Washington, D.C. World Wildlife Fund.

Falush D, Stephens M, Pritchard JK. 2007. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. Mol. Ecol. Notes 7(4): 574-578.

Harris PJC, Pasiecznik NM, Bradbury M, Ramírez L. 1998. Problems and potentials of *Prosopis*. En: Prendergast HDV, Etkin NL, Harris DR, Houghton PJ (Eds) Plants for Food and Medicine. Royal Botanical Gardens, Kew, UK. pp 277-293.

Hoisington DA, Khairallah MM, Gonzales de Leon D. 1994. Laboratory Protocols. CIMMYT Applied Molecular Genetics Laboratory. CIMMYT, Hisfoa, Mexico.

Lowe A.J., Boshier D., Ward M., Bacles C.F.E., Navarro C. 2005. Genetic resource impacts of habitat loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for neotropical trees. Heredity 95: 255-273.

Mottura MC, Finkeldey R, Verga AR, Gailing O. 2005. Development and characterization of microsatellite markers for *Prosopis chilensis* and *Prosopis flexuosa* and cross-species amplification. Molecular Ecology Notes 5: 487-489.

Peakall R, Smouse PE. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes 6: 288-295.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945-959.

Rohlf FJ. 1998. NTSYS-PC Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.0, Exeter Software, Setauket, NY, EEUU.