

## Estudios genéticos poblacionales en el complejo *Mimosa bifurca* (Fabaceae / Leguminosae)

Gilszlak J.<sup>1</sup>, M.V. Inza<sup>2</sup>, F. Calderón<sup>3</sup> y M. Morales<sup>2,3</sup>.

<sup>1</sup>Escuela Superior de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Morón, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Recursos Biológicos CIRN-CNIA, INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)). E-mail: jgilszlak@unimoron.edu.ar

### INTRODUCCIÓN

*Mimosa bifurca* Benth es un arbusto que se caracteriza por la presencia de tallos inermes o aculeados y flores generalmente rosadas dispuestas en amplias inflorescencias (Fig. 1), lo que le confiere potencial ornamental. Se distribuye en el sur de Sudamérica y forma un complejo taxonómico diploide con *M. glycyrrhizoides* Barneby, *M. intricata* Benth, *M. lepidota* Herzog y las recientemente descritas *M. sobralii* Grings & Ribas y *M. baptistae* Schmidt-Silveira & Miotto, mostrando alta variación morfológica y evidencias de hibridación (formas intermedias entre taxones). Este complejo presenta un modelo de interés para el estudio de su estructura y diversidad genética, que permitiría analizar las relaciones entre variabilidad morfológica y genética y dilucidar si las formas intermedias observadas son resultado de un proceso de hibridación homoploide.

### OBJETIVO

Caracterizar la variabilidad genética molecular de poblaciones del complejo *Mimosa bifurca* utilizando marcadores SSRs de modo de interpretar los procesos que la modulan y poder asistir a la conservación de la especie.

### MATERIALES Y MÉTODOS

- Se analizó la diversidad y estructura genética de 124 individuos de 10 poblaciones provenientes de Argentina (BI, BA y BC), Brasil (GLY, A, PSE, INT Y TRAC), Uruguay (UR) y Paraguay (GLYP) (Fig. 2), utilizando 8 marcadores SSR (Single Sequence Repeat), 6 específicos para *M. bifurca* y 2 transferidos desde *M. tandilensis* y *M. ramulosa*. Los productos fueron amplificados vía PCR y visualizados a partir de corridas electroforéticas en geles de poliacrilamida al 6%.
- A partir de la lectura de bandas (alelos) sobre los geles (Fig. 3) para la totalidad de los individuos, se construyó una matriz básica de datos que fue utilizada para el análisis posterior de los mismos con diferentes programas bioinformáticos tales como GenAlEx.6.3, Structure y el paquete "corrsieve" en entorno R.

### RESULTADOS

- La diversidad genética fue moderada con una heterocigosidad observada de 0,43 y una heterocigosidad esperada de 0,54 y se observó endogamia en varias poblaciones ( $F_{is} > 0$ ).
- La diferenciación genética entre poblaciones fue muy alta ( $\Phi_{PT} = 0,34$ ;  $p < 0,001$ ) y el flujo génico histórico estimado fue moderado a bajo ( $N_m = 0,49$ ), sugiriéndose procesos de deriva génica.
- Algunos individuos de la población BA comparten clusters genéticos con las poblaciones BI y UR.
- Se observó que las poblaciones de *M. bifurca* (BI, BA, UR Y BC) y *M. sobralii* (A) formaron grupos genéticos diferenciados (Fig. 4); el resto de las poblaciones, que forman un complejo entre *M. intricata*, *M. glycyrrhizoides* y *M. baptistae*, presentaron mezclas de grupos genéticos, sugiriendo hibridación homoploide.



Figura 1. Detalle de las flores de *M. bifurca*

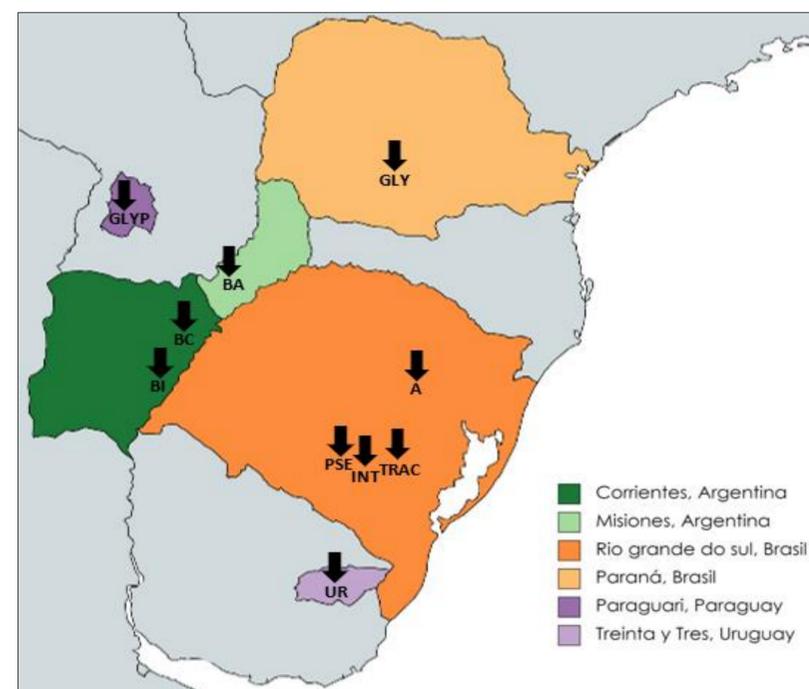


Figura 2. Ubicación geográfica de las poblaciones del complejo *M. bifurca*

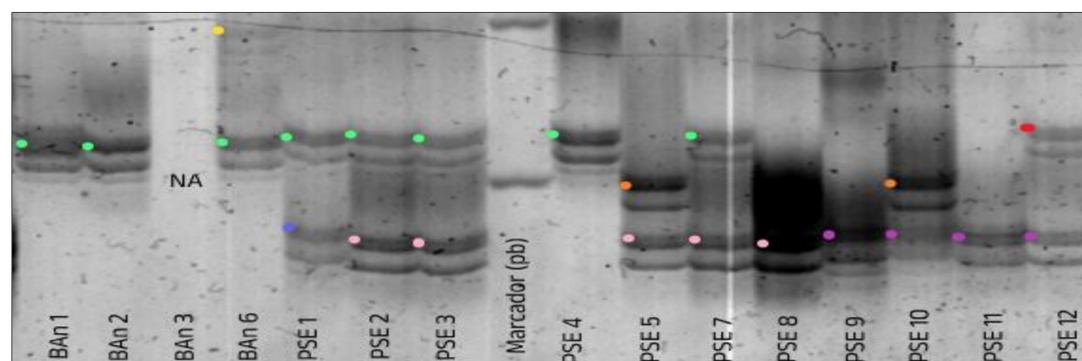


Figura 3. Patrón de alelos del SSR Mbif12 en 15 individuos de *M. bifurca*. (pb): pares de bases; NA: No amplificó el individuo

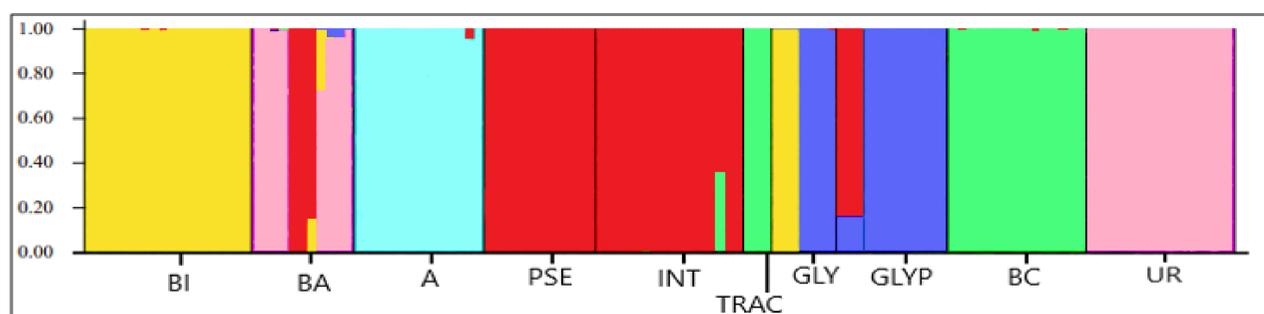


Figura 4. Estructura genética de las poblaciones bajo estudio del complejo *M. bifurca*.

### CONCLUSIONES

Los SSRs resultaron herramientas de alto valor para la interpretación taxonómica del complejo *M. bifurca*, siendo este trabajo el primer estudio genético poblacional realizado en el mismo.

Los resultados concuerdan con la propuesta taxonómica de *M. sobralii* como especie diferenciada y requieren la revisión de otras especies que exhiben confusa diferenciación. En este grupo de especies, los datos sugieren la existencia de mecanismos evolutivos tales como hibridación homoploide y deriva génica.