

## **BV76. Análisis de la diversidad genética y estructura poblacional en una población de mejoramiento de *E. camaldulensis* para bioenergía**

Villalba, P.V. (1)\*\*; Aguirre, N.C. (1)#; García, M.N. (1); Acuña, C.V. (1); Rivas, J.G. (1); Martínez, M.C. (1); Ludueña, A. (2); Díaz, M. (2); Pathauer, P.S. (3); Cappa, E.P. (3); Grattapaglia, D. (4); Hopp H.E. (1); Carreras, R. (2); Cisneros, F. (2); Marcucci Poltri, S. N. (1).

(1) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA-CONICET, Argentina. (2) Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Santiago del Estero (UNSE), Argentina. (3) Instituto de Recursos Biológicos, INTA, Argentina. (4) Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasil. #Ambos autores contribuyeron en igual proporción. \*[villalba.pamela@inta.gob.ar](mailto:villalba.pamela@inta.gob.ar)

Conocer y mantener la diversidad genética en los programas de mejoramiento forestal es crucial para una mejora sostenible a largo plazo, ya que es un recurso potencial para la rápida adaptación a los cambios climáticos y a los futuros objetivos de mejoramiento.

*Eucalyptus camaldulensis* Dehnh es uno de los eucaliptos ampliamente utilizados en poblaciones para bioenergía debido a su alto valor dendroenergético, cualidad que se ve potenciada por el rápido crecimiento del género. En Argentina, la Universidad Nacional de Santiago del Estero (UNSE) instaló, en 1996, un ensayo de progenies de la especie compuesto por 88 familias de polinización abierta (entre 1 a 12 individuos por familia) de 14 procedencias distintas (13 procedencias de Australia y una de África. A pesar de su importancia, hasta el momento no ha sido evaluada su diversidad genética y la estructura poblacional de dicha población, empleando herramientas moleculares. En este trabajo, se analizaron 689 individuos del ensayo (de 2200 árboles), utilizando el panel comercial EUChip60K (60000 SNPs), obteniendo un total de 20037 SNP polimórficos distribuidos a lo largo del genoma, con un promedio de 1821 SNP por cromosoma.

Los valores promedio de diversidad genética obtenidos fueron elevados y acordes a los esperados para la especie y al tipo de marcador empleado (Contenido de información polimórfica, PIC = 0,27; Heterocigosis observada,  $H_o = 0,35$  y; Heterocigosis esperada,  $H_e = 0,34$ ).

Al estudiar la estructura poblacional, los individuos se asignaron a seis subgrupos y para la estimación de la proporción de la varianza genética entre los mismos, resultó en una baja diferenciación ( $F_{ST} = 0,062$ ). Esto último indicaría que los individuos están más relacionados entre sí que lo esperado por su origen geográfico, conformando subgrupos acordes al flujo génico de donde provienen.

Los resultados obtenidos revelan que esta población tiene una amplia diversidad genética útil para realizar un manejo poblacional más efectivo y generar materiales mejorados que podrán ser transferidos a productores primarios vinculados a esta especie. Asimismo, el análisis de la estructura de la población obtenida permite conocer la proporción exacta de la procedencia de cada material y podría ser incluido en estudios a futuro de asociación de mapeo amplio y selección genómica.