BV4

**Diversidad genética y estructura poblacional de la colección núcleo de maní (*Arachis hypogaea*) del INTA mediante marcadores SSR altamente polimórficos**

Etchart, VJ1., Moreno, MV2., Mamani, EMC.2, Manifesto, MM3 , Baldessari, J2.

1) Instituto de Genética Ewald A. Favret – INTA-CNIA. 2) EEA Manfredi- INTA Córdoba. 3) Instituto de Recursos Biológicos – INTA-CNIA.

El maní (*Arachis hypogaea* L.) es una leguminosa nativa de Sudamérica y de gran importancia a nivel mundial. Es una especie autógama y alotetraploide (2n= 4x= 40), con 2 subespecies: *fastigiata* e *hypogaea*. La ssp. *fastigiata* incluye 4 variedades botánicas (*fastigiata*, *vulgaris*, *peruviana* y *aequatoriana*), y la ssp. *hypogaea* está constituida por 2 variedades botánicas (*hypogaea* e *hirsuta*). El banco de Germoplasma de Maní del INTA (EEA-INTA Manfredi, Córdoba) es el de mayor tamaño en Sudamérica y 7° a nivel mundial. Posee 3443 entradas activas originarias de 40 países y su Colección Núcleo (CN) incluye 151 entradas (cultivares, líneas de mejoramiento y *landraces* de la especie cultivada). El objetivo de este trabajo fue seleccionar marcadores SSR altamente polimórficos para caracterizar molecularmente la CN y realizar el análisis de su estructura genética. Se evaluaron 32 pares de oligonucleótidos, cuyos productos de PCR se resolvieron en geles de poliacrilamida 6% y visualizaron mediante tinción con nitrato de plata. Cada marcador se caracterizó según calidad de amplificación, número de alelos obtenidos, contenido de información polimórfica (PIC) e índice de diversidad genética (DG). Se seleccionaron 20 SSR que presentaron patrones de amplificación claros y reproducibles, 8 de ellos fueron monomórficos y los 12 restantes polimórficos, obteniéndose 14 *loci* informativos debido a que 2 de los SSR evidenciaron 2 sitios de amplificación. El número de alelos totales fue de 83, con un promedio de 5,9 alelos por locus. El índice DG promedio fue 0,613 con un rango entre 0,18 y 0,889. El PIC arrojó un valor promedio de 0,566 y varió entre 0,166 y 0,878, indicando que, en general, los marcadores utilizados fueron altamente informativos (el 57% de ellos mostraron PIC ≥ 0,500). El análisis de agrupamiento de las entradas, basado en las distancias individuales DAS, evidenció la presencia de 2 grupos, con tendencia a asociarse por subespecie. El primero comprendió 78 entradas, de las cuales 83,3% fueron ssp. *fastigiata,* 1,35% ssp. *hypogaea* y 15,4% sin taxón asignado. El segundo grupo incluyó 73 entradas, de las cuales 48% pertenecieron a la ssp. *hypogaea*, 34,2% a la ssp. *fastigiata* y 17,8% sin taxón asignado.La estructura poblacional fue inferida mediante análisis Bayesiano. Las pruebas se hicieron para valores de K =1 – 15, empleando 3 réplicas para cada subpoblación, modelo de mezcla con frecuencias alélicas correlacionadas, un período de burning de 100.000 y de MCMC en la corrida de 500.000. La máxima probabilidad de los datos se obtuvo en K = 2, sugiriendo también que las entradas pueden asignarse a dos grupos, con una pertenencia mayor al 90% en el 85,4% de las muestras. La separación esperada por subespecie y la ausencia de estructuración dentro de cada una de ellas, le confiere a esta CN gran potencial para ser utilizada en el desarrollo y aplicación de tecnologías genómicas. La utilización de SSR con alto nivel de discriminación, integrados a caracterizaciones agronómicas será de utilidad para la planificación de cruzamientos en programas de mejoramiento del cultivo y en estudios de asociación para caracteres complejos.