

TRABAJO CIENTÍFICO

## Identificación de genotipos estables en 19 familias de *Prosopis alba* usando marcadores de microsatélites y parámetros de productividad

*Identifying stable genotypes in 19 families of Prosopis alba using microsatellite markers and productivity parameters*

Klein L. M.<sup>1</sup>; M. V. Spoljaric<sup>1</sup> y S. L. Torales<sup>2</sup>

Recibido en junio de 2018; aceptado en marzo de 2019

### RESUMEN

Se caracterizaron mediante marcadores moleculares y morfométricos diecinueve familias de algarrobo blanco, de la colección a campo de *Prosopis* establecida en el año 2010, pertenecientes al banco de germoplasma INTA-Sáenz Peña, seleccionando la procedencia Río Bermejito (Departamento General Güemes, Chaco) por su estabilidad genética. La investigación fue conducida en la EEA (Estación Experimental Agropecuaria) INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria), Sáenz Peña (Latitud Sur 26° 47' 27" y Longitud Oeste 60° 26' 29"; Altitud 90 m s.n.m.), Chaco. Durante 2014-2016.

Se realizó la caracterización molecular con catorce marcadores microsatélites (SSRs) y la caracterización morfológica se llevó a cabo analizando distintas variables morfométricas.

Al estudiar la similitud genética entre las diecinueve familias se observó que las progenies se relacionaron en un solo grupo con un 45 % de similitud sin agruparse por familia. El estudio de la diversidad genética reveló una frecuencia alélica similar entre las familias. Además, el valor de la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) resultó más baja que la heterocigosidad observada ( $H_o$ ) indicando endogamia. El AMOVA y los estadísticos F de Wright evidenciaron que la mayor diferenciación genética se encuentra dentro de cada familia y es menor entre familias.

La plantación presenta un distanciamiento de 4x4 m con cuatro (4) pseudorepeticiones por familia. Se aplicó un análisis estadístico descriptivo y un análisis de la variancia no paramétrico Kruskal Wallis al 5 %, ambos mostraron que no existen diferencias significativas entre las familias, siendo la altura total el parámetro más estable.

Este estudio permitirá un primer paso en la selección de genotipos estables para mejoramiento genético convencional.

**Palabras clave:** SSR, morfométrico, algarrobo blanco

### ABSTRACT

Nineteen (19) white carob families from Rio Bermejito (General Güemes Department in the Province of Chaco) belonging to the field collection of *Prosopis* established in 2010 were selected from the INTA-Saenz Peña germplasm bank due to their genetic stability and characterized by molecular and morphometric markers. This work was conducted in the Agricultural Experimental Station (EEA in Spanish) of the National Institute of Agricultural Technology (INTA in Spanish) located in Sáenz Peña (Latitude South 26°47'27" and West Length 60°26'29", Altitude 90 msn), Chaco during 2014-2016. The molecular characterization was performed using fourteen microsatellite markers (SSR) while the morphological one was carried out by analyzing different morphometric variables. When studying the genetic similarity among the 19 families, the progenies were related into a single group showing 45 % of similarity without being grouped by family. The study of genetic diversity revealed similar frequency between families. Furthermore, the expected value for heterozygosity ( $H_e$ ) was lower than the observed ( $H_o$ ) which indicates inbreeding. The AMOVA and the Wright's F statistical showed that the greatest genetic differentiation occurs within each family and it is lower among families. There is a 4x4 distancing in the plantation with four (4) pseudo-repetitions per family. The descriptive statistical analysis together with the nonparametric Kruskal Wallis at 5% of variance were both applied; both showed non-significant differences among families, being total height the most stable parameter. This study will allow a first step in the selection of stable genotypes for conventional breeding improvement to be taken.

**Keywords:** SSR, morphometrics, white carob

<sup>1</sup> EEA INTA Sáenz Peña, Ruta Nacional N° 95 Km 1108, 3700 Presidencia R. Sáenz Peña, Chaco, Argentina. E-mail: klein.lorena@inta.gov.ar

<sup>2</sup> Biological Resources Institute (IRB). Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA Castelar). Las Cabañas y Los Reseros, s/n. 1686 Hurlingham. Buenos Aires, Argentina. E-mail: Torales.susana@inta.gov.ar

**Abreviaciones**

PCR: reacción en cadena de la polimerasa.  
 SSR: secuencias simples repetitivas.  
 AT: altura total  
 DAP: diámetro a la altura del pecho  
 ABF: altura de la bifurcación de fuste.  
 N°F: número de fustes.  
 m: metro.  
 cm: centímetro.

ng: nanogramos.  
 µL: microlitros.  
 N<sub>a</sub>: número de alelos  
 N<sub>e</sub>: número efectivo de alelos  
 H<sub>o</sub>: heterocigosidad observada  
 H<sub>e</sub>: heterocigosidad Esperada  
 BGFN: Banco de Germoplasma Forestales Nativas.

**1. INTRODUCCIÓN**

El género *Prosopis* es un componente común de las zonas áridas y semiáridas de América y un recurso promisorio para la reforestación y recuperación de este tipo de suelo.

*Prosopis alba* Grisebach (algarrobo blanco) es una especie de importancia económica del Parque Chaqueño, se distribuye en varias provincias de la Argentina, pero el 80 % de la extracción de madera de algarrobo se centra en Chaco y Formosa (Verga, 2005). Tiene madera dura (0,80 kg/dm<sup>3</sup>), poco vetada, gran estabilidad y durabilidad al aire libre (Giménez y Moglia, 2003) por lo cual es apta para muebles finos, carpintería de obra y parquet, entre otros. Estas excelentes propiedades tecnológicas han generado la extracción de los mejores ejemplares causando una fuerte erosión de los recursos genéticos disponibles (López *et al.*, 2001). Además, diferentes autores (Torggler, 1987, López, 1992, Cony, 1996, Felker *et al.*, 2001, López *et al.*, 2001) han reportado cruzamiento abierto y gran heterocigosidad en la especie, causante de la variabilidad intraespecífica observada en la producción de plántulas y plantaciones logradas (López Lauenstein *et al.*, 2012, Verga *et al.*, 2009). De acuerdo con McKay *et al.* (2005), una elección incorrecta de los genotipos que se reproducen puede traducirse en procesos de mala adaptación que deprimen el vigor de los árboles implantados y pueden comprometer su supervivencia. Es por ello que la detección de algarrobos “in situ” mínimamente explotados es de gran importancia para el establecimiento de poblaciones base destinadas a programas de conservación y reproducción (Roldan Bernhard, 2007). Ledesma *et al.* (2008), llevaron a cabo un estudio con 2 orígenes (Chaco y Santiago del Estero) de *P. alba* sobre características productivas como diámetro y altura, descubriendo que la procedencia del Chaco tiene características fenotípicas más estables en la progenie. López *et al.* (2001) evaluaron 57 familias de *P. alba* de 8 orígenes correspondientes a la provincia fitogeográfica del Chaco, encontrando una alta heredabilidad en altura y diámetro a la altura del cuello en las procedencias de Castelli (Chaco) e Ibarreta (Formosa). Del mismo modo, Salto y López (2011) evaluaron 217 familias de polinización abierta de diferentes orígenes de *P. alba*, mostrando que las procedencias del norte de Formosa, Salta (cuenca del río Bermejo), Chaco (cuenca del río Bermejo) y los sitios Laguna Yema (Formosa) y Santa María (al norte de Salta) evidencian mayor estabilidad genética. Estos orígenes son materiales prometedores para futuras mejoras.

La mejora genética y la conservación de las especies forestales enfrentan problemas difíciles de resolver con el uso exclusivo de herramientas convencionales, por lo que la aplicación de marcadores microsatélites constituye una técnica apropiada para la identificación de especies y las relaciones filogenéticas. A través de estudios moleculares, también es posible obtener diferentes índices genéticos de distancia y generar esquemas ramificados o dendrogramas, que permiten demostrar la similitud genética de los materiales (Carrera *et al.*, 2004). Mottura (2006) desarrolló seis SSRs genéticos y Torales (2013) 11 SSRs funcionales en genes de estrés abiótico siendo informativos y útiles para caracterizar genotipos de *P. alba*. El objetivo del trabajo fue caracterizar la estabilidad genética de 19 familias de *P. alba*, del departamento de General Güemes-Chaco, Argentina a través de marcadores moleculares y caracteres morfométricos. La selección del origen se basó en la estabilidad genética de la progenie (Lopez *et al.* 2001, Ledesma *et al.* 2008, Salto y López, 2011) y la especie *P. alba* por su alto interés económico para el polo productivo de la región.

## 2. MATERIALES Y MÉTODOS

El ensayo se realizó en la EEA (Estación Agrícola Experimental) INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria) Sáenz Peña, (Latitud Sur 26° 47' 27" y Oeste Longitud 60° 26' 29", Altitud 90 m s. n. m.), Chaco. Durante los años 2014-2016.

### Material vegetal

Diecinueve familias pertenecientes a la colección de *Prosopis* spp fueron seleccionadas del banco de germoplasma INTA Sáenz Peña según el origen (Departamento General Güemes ubicado entre los paralelos 24° y 27° de Latitud Sur y los meridianos 60° y 69° de Longitud Oeste, de la provincia de Chaco). La plantación presenta un diseño experimental con un distanciamiento de 4x4 m y 4 pseudorepeticiones por familia.

### Métodos

1- Caracterización molecular: para la extracción de ADN, se seleccionaron brotes jóvenes y se utilizó el Qiagen® Plant DNA Easy Mini Kit. En el momento de la extracción, la plantación tenía cuatro años.

La cuantificación se llevó a cabo de manera visual directa mediante comparación de las muestras con concentraciones conocidas de ADN del bacteriófago Lambda (Fermentas) corridos en geles de agarosa al 0,8 %. A partir de la determinación de las concentraciones iniciales, se obtuvo una dilución de trabajo final de 10 ng/μl.

En este estudio se contó con once (11) microsátélites funcionales. Para la amplificación de los mismos se utilizó el *kit* para PCR Taq DNA Polimerasa (Fermentas), con un tiempo de ciclado según protocolo reportado por Torales (2013), y seis (6) SSRs genómicos, con un tiempo de ciclado según Mottura *et al*, (2005).

La visualización de los productos de PCR se llevó a cabo mediante electroforesis en cuba vertical para geles de poliacrilamida, los que fueron teñidos con nitrato de plata y revelados con carbonato de sodio.

La determinación de los pesos en pares de bases (pb) de las bandas se realizó tomando un valor de referencia del marcador de 10 pb DNA ladder (Invitrogen).

La estimación de la similitud genética entre y dentro de familias se realizó mediante el programa NTSYS versión 2.01e (Rohlf, 1993), utilizando el coeficiente de Jaccard (1908) y el método UPGMA (Unweighted Pair Group Method Average) que generó gráficamente una estructura arborescente o dendrograma.

En la estimación de la diversidad genética se utilizó el software GenAlEx 6 (Peakall y Smouse, 2006) para el cual se obtuvo una matriz de datos mediante la estimación del tamaño de los alelos expresado en pares de bases. Se estimaron los siguientes parámetros genéticos: número de alelos observados por locus ( $N_a$ ), número promedio de alelos por locus ( $A/L$ ), número efectivo de alelos por locus ( $N_e$ ) ( $N_e$  estimado como  $1/\sum p_i$  donde  $p_i$  es la frecuencia  $i^{\text{a}}$  del alelo en el locus), alelos privados (únicos), heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y heterocigosidad esperada ( $H_e$ ). Además, se realizó un análisis molecular de variancia (AMOVA) y se obtuvieron los estadísticos F de Wright (Wright, 1951).

2- Caracterización morfológica: Al momento de la toma de datos morfométricos la plantación contaba con cinco años. Las mediciones se llevaron a cabo sobre cuatro (4) genotipos de cada familia, siendo un total de 76 árboles analizados, midiéndose las siguientes variables: altura total

(AT, medida en m), diámetro a la altura del pecho (DAP, medida en cm), altura de bifurcación de fuste (ABF, medida en m) y número de fustes (N° F).

Las variables fueron analizadas mediante el programa InfoStat/P (Di Rienzo *et al.*, 2009), aplicando un análisis estadístico descriptivo para todas las variables medidas, utilizando medidas de resumen: media, límites de mínimo (Min.) y máximo (Máx.). Además, se construyó un gráfico de barras apiladas, mostrando la contribución que presentan las distintas variables medidas. Por último, se realizó un análisis de la varianza no paramétrica Kruskal Wallis al 5 % (Kruskal y Wallis, 1952, Marasciulu, 1977).

### 3. RESULTADOS

#### 1-Caracterización molecular:

Del total de 17 marcadores microsatélites utilizados, tres (3) fueron descartados ya que no se logró una transferencia exitosa y resultaron poco informativos para el estudio.

Para el total de las familias estudiadas, se realizó una estimación de la similitud genética dentro de cada familia, donde se evidenció que la familia 10 (BGFN0012) presentó la mayor similitud entre los medios hermanos (Tabla 1); mientras que la familia 3 (BGFN0045) mostró la menor similitud entre sus genotipos (Tabla 2)

**Tabla 1:** Matriz de similitud obtenida aplicando el coeficiente de Jaccard Familia 10 (BGFN0012).

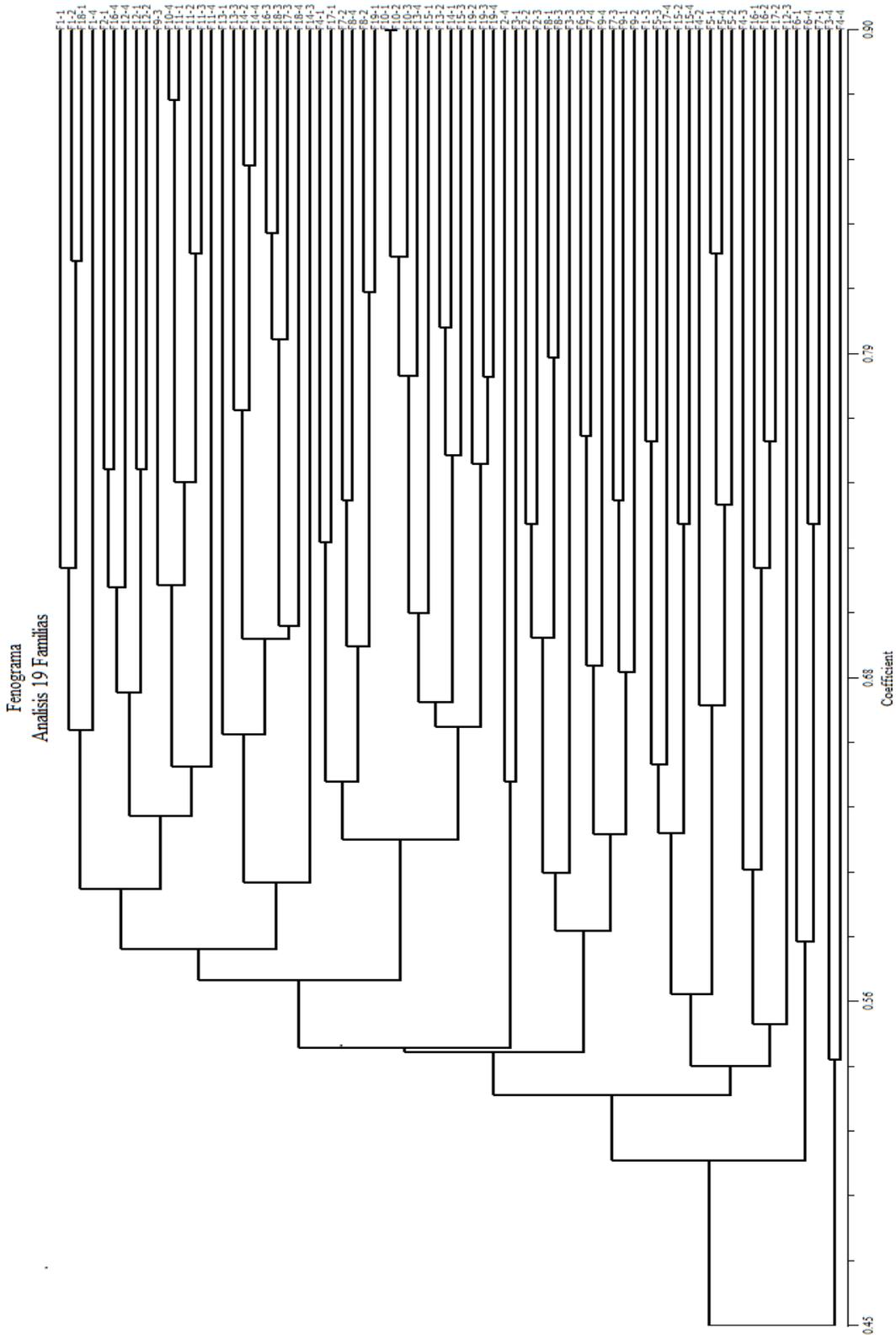
	Árbol 1	Árbol 2	Árbol 3	Árbol 4
Árbol 1	1			
Árbol 2	0,904	1		
Árbol 3	0,800	0,850	1	
Árbol 4	0,800	0,666	0,680	1

**Tabla 2:** Matriz de similitud obtenida aplicando el coeficiente de Jaccard Familia 3 (BGFN0045).

	Árbol 1	Árbol 2	Árbol 3	Árbol 4
Árbol 1	1			
Árbol 2	0,750	1		
Árbol 3	0,600	0,615	1	
Árbol 4	0,739	0,708	0,818	1

Al analizar la similitud genética entre las 19 familias, las progenies se relacionaron en un solo grupo con un 45 % de similitud lo que indicaría un 65 % de variabilidad entre ellas. Las progenies no se agruparon por familia a excepción de la Familia 11 (BGFN0011), siendo los árboles 2 y 3 los que presentaron mayor asociación (82 %); por otra parte los genotipos 1 y 2 de la familia 10 (BGFN0012) presentaron una asociación del 90 % (Figura 1).

En la Tabla 3 se describen los promedios de: número de alelos observados por locus ( $N_a$ ), número efectivo de alelos por locus ( $N_e$ ), heterocigosidad media observada y la heterocigosidad media esperada ( $H_o$  y  $H_e$  respectivamente). El número total de alelos observados ( $N_a$ ) para todas las familias en todos los loci fue de 43, siendo los marcadores, S-P1EPIV2 y Mo16 los que presentaron el valor más alto ( $N_a = 2,47$ ) con una media general por locus en toda la población de 1,98 (A/L). El número de alelos efectivos ( $N_e$ ) presentó un valor medio de 1,69. La heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ) arrojaron valores medios de 0,44 y 0,34 respectivamente indicando alta probabilidad de endogamia entre las familias.



**Figura 1.** Fenograma SSRs obtenido por la técnica de agrupamiento UPGMA utilizando el coeficiente de JACCARD, para el total de las familias analizadas.

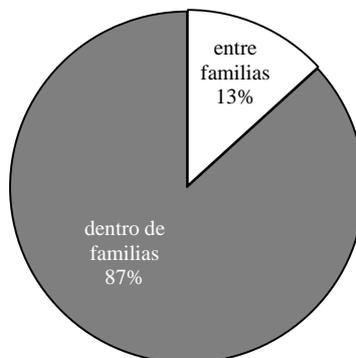
**Tabla 3.** Diversidad genética de la población por Loci

	SSR	N <sub>a</sub>	N <sub>e</sub>	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>
SSRs Funcionales	IP00930b	1,47	1,33	0,19	0,10
	IP00930c	1,74	1,46	0,27	0,24
	IP00930d	1,95	1,68	0,35	0,52
	IP03211	2,42	2,09	0,46	0,54
	IP03325a	1,95	1,71	0,39	0,46
	IP07653	1,84	1,46	0,28	0,35
	IP10500	1,53	1,22	0,15	0,20
	S-P1DKSFA	1,84	1,57	0,33	0,51
	S-P1EPIV2	2,47	1,95	0,45	0,54
SSRs Genómicos	Mo05	1,89	1,65	0,29	0,25
	Mo07	2,16	1,77	0,39	0,52
	Mo09	1,79	1,53	0,30	0,46
	Mo13	2,32	2,04	0,49	0,74
	Mo16	2,47	2,21	0,51	0,81
	Media general	1,98	1,69	0,44	0,34

N<sub>a</sub>: media del número de alelos observado por locus; N<sub>e</sub>: Número efectivo de alelos por locus; H<sub>o</sub>: heterocigosidad media observada; H<sub>e</sub>: heterocigosidad media esperada. .

Se evidenciaron dos alelos privados, uno en la familia 1 (BGFN0062) para el marcador Mo05 (alelo 118 pb con una frecuencia de 0,125) y uno en la familia 7 (BGFN0015) para el marcador IP00930d (alelo 208 pb con una frecuencia 0,125). El AMOVA estimó que el 87 % de la variación genética se encuentra dentro de cada familia mientras que entre familias es de un 13 % (Figura 2). En la tabla 4 se observan los estadísticos F de Wright estimados para las 19 familias en estudio, el cual arrojó valores para F<sub>st</sub>: 0,14 (baja diferenciación genética entre familias) y F<sub>is</sub>: -0,121 (exceso de heterocigosis dentro de cada familia).

**Porcentaje de Variancia Molecular**



**Figura 2.** Gráfico de torta mostrando la distribución de la variancia.

**Tabla 4.** Análisis mediante estadístico F de Wright

Estadístico-F	Valor	P(aleat. >= dato)
F <sub>st</sub>	0,146	0,001
F <sub>is</sub>	-0,121	1,000

2-Characterización morfológica: el análisis estadístico descriptivo realizado para todas las variables en estudio evidenció que la familia 10 (BGFN0012) mostró la mayor altura media

(5,95 m) con valores entre 5,60 y 6,20 m. En cuanto al DAP el promedio más alto (10,64 cm) lo manifestó la familia 7 (BGFN0015), con valores entre 17,30 y 6,53 cm; mientras que para la variable ABF, la familia 14 (BGFN0008) expresó mayor uniformidad entre sus genotipos con una media de 0,68 siendo el valor mínimo a 0,50 m y el máximo a 0,89 m de altura. Por último para la variable N° F la familia 3 (BGFN0045) se presentó como la más estable con un valor medio de 2 fustes por árbol (Tabla 5).

**Tabla 5.** Tabla de valores medios, Min, Max para las variables: altura total (AT), altura de bifurcación de fuste (ABF), número de fustes (N°F) y diámetro a la altura del pecho (DAP).

Variables Familia	AT			ABF			N°F			DAP		
	Media	min	max	Media	min	max	Media	min	max	Media	min	max
FLIA 19	5,90	4,80	6,40	0,73	0,25	1,35	2,75	1	4	9,42	8,03	12,50
FLIA 18	5,73	5,00	6,40	0,78	0,50	1,10	2,67	2	4	9,58	8,50	11,40
FLIA 17	5,88	5,40	6,80	0,54	0,25	0,85	2,75	2	4	8,95	6,85	10,73
FLIA 16	5,75	5,20	6,20	0,62	0,35	0,87	3,75	3	6	8,22	6,73	10,50
FLIA 15	5,65	5,60	5,80	0,53	0,35	0,98	4,00	3	5	8,23	5,60	10,53
FLIA 14	5,43	4,60	5,90	0,68	0,50	0,89	2,50	2	3	10,29	7,37	13,70
FLIA 13	4,98	4,10	5,60	0,82	0,43	1,08	3,00	2	5	7,90	5,03	11,90
FLIA 12	5,60	5,40	6,00	0,68	0,00	1,48	3,25	1	5	8,64	7,80	10,18
FLIA 11	5,48	5,00	5,80	0,80	0,42	1,31	3,00	1	5	9,94	6,77	17,00
FLIA 10	5,95	5,60	6,20	0,68	0,32	0,93	3,75	3	6	9,43	7,80	11,20
FLIA 9	5,48	5,00	6,00	0,92	0,25	1,40	2,50	1	4	9,07	7,70	12,00
FLIA 8	5,60	4,80	6,40	0,66	0,40	0,84	3,25	2	4	8,31	7,63	9,30
FLIA 7	5,93	5,60	6,50	0,87	0,30	1,35	2,50	1	4	10,64	6,53	17,30
FLIA 6	4,47	3,00	5,30	0,38	0,00	0,88	3,33	2	5	5,50	2,00	7,50
FLIA 5	5,65	4,30	7,80	0,21	0,00	0,35	4,00	2	5	7,03	5,00	9,10
FLIA 4	4,75	3,40	5,40	0,54	0,00	1,05	2,25	2	3	7,55	3,00	11,45
FLIA 3	5,17	5,00	5,30	0,96	0,48	1,20	2,00	2	2	8,05	5,60	9,60
FLIA 2	5,58	5,40	5,70	0,52	0,00	0,94	4,25	2	7	7,30	5,93	8,80
FLIA 1	5,08	4,50	5,80	0,68	0,00	1,38	5,25	3	9	8,71	7,50	11,20

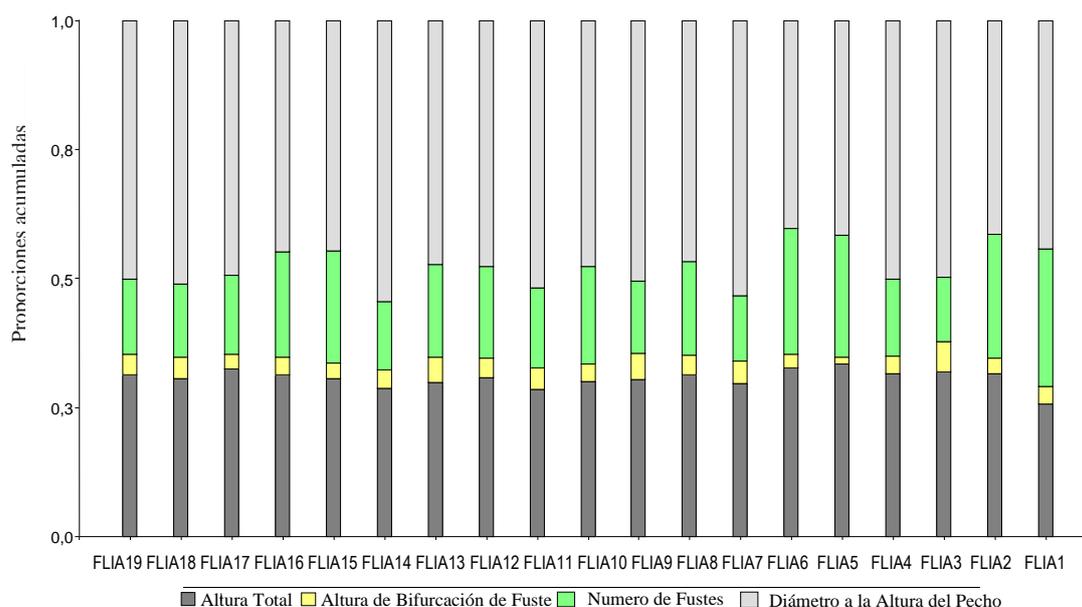
min: mínimo; max: máximo.

El análisis de la variancia no paramétrico Kruskal Wallis indicó que no existen diferencias significativas entre las 19 familias en relación con las variables de AT ( $p=0,0986$ ), ABF ( $p=0,6294$ ), N° F ( $p=0,3767$ ) y DAP ( $p=0,3767$ ) (Tabla 6), coincidiendo con los resultados del ANOVA.

**Tabla 6.** Análisis no paramétrico de la variancia

Variables	Kruskal-Wallis test. ( $p=0,05$ )
AT	$p=0,0986$
ABF	$p=0,3767$
N° F	$p=0,6337$
DAP	$p=0,6294$

El gráfico de barras apiladas (Figura 3) muestra la partición de todas las variables analizadas. La AT presentó proporciones similares entre las familias, siendo la variable más estable, mientras que ABF, N° F y DAP presentaron menor estabilidad. A su vez, las variables N° F y DAP evidenciaron valores inversamente proporcionales (mayor número de fustes menor diámetro).



**Figura 3.** Gráfico de barras apilado para las variables de AT, ABF; N° F, DAP en cada familia.

#### 4. DISCUSIÓN

Los estudios moleculares permitieron establecer una alta similitud entre los individuos de la familia 10 (BGFN0012) indicando que la planta madre fue polinizada por un reducido número de árboles padres, lo que representa menor diversidad genética en la progenie (Bessegá *et al*, 2000).

La similitud genética entre las 19 familias y los 14 SSRs estableció un solo grupo con 45 % de similitud entre progenies. Estos resultados muestran que la formación de los grupos no está en función del criterio familiar sino individual, debido a que las diferencias de variabilidad se encuentran dentro de familias y no entre las mismas. El análisis de la diversidad genética o heterocigosidad esperada para todos los locus resultó más baja ( $H_e = 0,348$ ) que la heterocigosidad observada ( $H_o = 0,445$ ), indicando un grado de endogamia (Loo, 2011) y por lo tanto una reducida diversidad genética entre familias. Esta baja variabilidad estaría relacionada, según Weller *et al*. (1996) y Sosa (2001), al tamaño poblacional, el sistema de cruzamiento y las relaciones filogenéticas de las especies. Además, el número de progenies analizadas es pequeño, y los genotipos proceden de una sola área geográfica (Departamento Güemes), sumado a que la dispersión del polen en especies de la sección Algarobia es limitada (Bessegá *et al*, 2000). Los estadísticos F de Wright (Wright 1951), índice  $F_{st}$  (0,146) y  $F_{is}$  (-0,121) junto al AMOVA (87 % de variabilidad genética dentro de familia versus 13 % entre familias), mostraron que la mayor variación genética se encuentra dentro de las familias. Carrera *et al* (2012) obtuvieron resultados similares cuando estudiaron 217 familias de progenies de polinización abierta provenientes de diez orígenes, mostrando que la mayor parte de la variación ocurre dentro de las familias (77 %), mientras que la diferenciación entre familias (dentro de cada origen) es de un 18 %. Este comportamiento es muy común en especies forestales principalmente en anemófilas (Hamrick *et al*, 1992).

En cuanto a la expresión del fenotipo, la familia 10 (BGFN0012) presentó la mayor altura promedio ( $5,95 \text{ m} \pm 0,25$ ) mostrando poca dispersión para este carácter, y un DAP con un valor medio de  $9,43 \text{ cm} \pm 1,46$ . Delvalle *et al* (2011) encontraron valores similares al evaluar el crecimiento de ejemplares provenientes de diez rodales, con dos años de implantación, siendo el origen de Isla Cuba (Formosa) quien presentó una alta homogeneidad en las variables evaluadas

(diámetros a la altura del cuello 2,41 y 0,45 cm y altura total de 2,1 m). Las variables ABF y N° F para esta familia presentaron valores medio de  $0,68 \text{ m} \pm 0,27$  y  $3,75 \pm 1,5$  respectivamente. La familia 16 (BGFN0006) mostró para el crecimiento primario (AT) un valor medio de  $5,75 \text{ m} \pm 0,44$ , y un promedio en crecimiento secundario (DAP) de  $8,22 \text{ cm} \pm 1,65$ . En cuanto a las variables ABF el valor medio fue  $0,62 \text{ m} \pm 0,21$  y para el N° F fue de  $3,75 \pm 1,5$ . Los valores de las variables ABF y N° F indicaron bajo potencial de rendimiento de la madera para aserrío (Ugalde, 1981). Sin embargo, a partir de un manejo silvícola adecuado, estos parámetros podrían ser mejorados para responder las demandas locales de rollos con una longitud mínima 1,30 m y preferentemente que superen los 2,10 m (Kees y Michela, 2016). En el análisis de la variancia no paramétrico (Prueba de Kruskal Wallis) las variables morfométricas (AT, ABF, N° F, DAP) no presentaron diferencias significativas ( $p=0,05$ ) entre familias, coincidiendo con el análisis de variabilidad obtenido mediante la variancia molecular. En cuanto al gráfico apilado (Figura 3) la variable que presentó comportamiento más estable para todas las familias fue AT. Resultados similares fueron encontrados por Carrera *et al* (2012) cuando evaluaron rasgos cuantitativos de crecimiento como la altura (H) y diámetro a la altura del pecho (DAP), y rasgos cualitativos como espinas y 11 caracteres de hojas en diferentes orígenes.

Por lo tanto, una elección errónea del material a reproducir puede traducirse en procesos de mala adaptación deprimiendo el vigor de los árboles implantados y hasta comprometiendo su supervivencia (Mckay *et al.*, 2005); es por ello que la selección por progenie sería una elección acertada para evadir estas consecuencias indeseadas. Un criterio similar fue reportado por Verga (2013) en rodales semilleros de *Prosopis* a partir del bosque nativo.

## 5. CONCLUSIONES

La selección de genotipos se realizó en función del criterio individual y no familiar, debido a que las diferencias de variabilidad se manifestaron dentro de familias y no entre las mismas.

- Se seleccionaron los árboles 2 y 3 de la Familia 11 (BGFN0011) y, 3 y 4 de la familia 3 (BGFN0045) que si bien mostraron una alta estabilidad a nivel molecular y morfológico conservan un porcentaje de variabilidad.
- La estabilidad genética de los genotipos recolectados no se asoció con la similitud de los parámetros de alta productividad.
- Como perspectiva, los árboles seleccionados se usarán en los programas de mejora de *Prosopis alba*.

### Agradecimiento:

Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Formosa (UNAF) - Instituto de Tecnología Agropecuaria (INTA).

## 6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bessegá, C. F.; L. I. Ferreyra; J. C. Vilardi y B. O. Saidman. 2000. Unexpected low genetic differentiation among allopatric species of section Algarobia of *Prosopis* (Leguminosae). *Genética* 109:255-266.
- Carrera A. D.; G. E. Tranquilli y M. Helguera. 2004. Aplicaciones de los Marcadores Moleculares. *Biocología y Mejoramiento Vegetal* 2:149-160.
- Carreras, R.; C. F. Bessegá; C. R. López; B. O. Saidman y J. C. Vilardi. 2012. *Componentes de variación genética cuantitativa y molecular en Prosopis alba (LEGUMINOSAE)*. XV Congr. Latinoamericano de Genética, XLI Congr. Argentino De Genética, XLV Congr. Soc. Genética de Chile, II Reunión Regional SAG-Litoral. Rosario, Santa Fe.
- Cony, M. 1996. Genetic variability in *Prosopis flexuosa* D.C., a Native Tree of the Monte Phytoecographic Province, Argentina. *Forest Ecology and Management* 87:41-49.
- Delvalle, P.; M. A. Atanacio; M. Ayala; I. A. Svriz, y J. Bankoff Petkoff. 2011. Ensayo de Orígenes de *Prosopis alba* Griseb (Algarrobo blanco). [en línea] [Fecha de consulta: diciembre 2015], p 1-8 Disponible en: <https://inta.gob.ar/documentos/ensayo-de-origenes-de-prosopis-alba-griseb-algarrobo-blanco>.
- Di Rienzo J. A.; R. Macchiavelli y F. Casanoves. 2009. Modelos Mixtos en InfoStat. Agro 6998 [en línea] [fecha de consulta: junio 2016] p.1-193 Disponible en: <http://academic.uprm.edu/rmacchia/agro6998/TutorialMMesp.pdf>
- Felker, P.; C. Lopez; C. Soulier; J. Ochoa; R. Abdala and M. Ewens; 2001. Genetic Evaluation of *Prosopis alba* (algarrobo) in Argentina for Cloning Elite Trees. *Agroforestry Systems* 53:65-76.
- Giménez, A. M. y J. G. Moglia. 2003. *Arboles del Chaco Argentino. Guía para el reconocimiento dendrológico*. Facultad de Ciencias Forestales. Universidad Nacional de Santiago del Estero. Santiago del Estero, Argentina. ISBN: 978-95852-9-1. 308 p.
- Hamrick, J. L.; M. J. Godt; and S. L. Sherman-Broyles. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New Forests* 6:95-124.
- Kees, S M. y J. F. Michela. 2016. Aspectos de la producción primaria y el mercadeo del algarrobo en Chaco, Argentina. Artículo de divulgación [en línea] [fecha de consulta: agosto 2016]. Disponible en: <http://inta.gob.ar/documentos/aspectos-de-la-produccion-primaria-y-el-mercadeo-del-algarrobo-en-chaco-argentina>.
- Kruskal, W and W. Allen Walli. 1952. Use of Ranks in One-Criterion Variance Analysis, *Journal of the American Statistical Association* 47(260):583-621
- Ledesma, T.; G. De Bedia y C. R. López. 2008. Productividad de *Prosopis alba* Griseb en Santiago del Estero. *Quebracho* 15: 5-9.
- Loo, J. 2011. *Manual de Genética de la conservación. Principios aplicados de genética para la conservación de la diversidad genética*. Primera edición. Italia, Roma ISBN: 978-607-715-007-7. 200p.
- López, C. R. 1992. *Variación Fenotípica e Genética em Clones de E. urophylla da Ilha Flores*. Tesis de Maestría. ESALQ - Universidad de San Pablo, Piracicaba, S.P. Brasil, 101 p.
- López, C. R.; A. Maldonado Zamora y V. Salim. 2001. Variación genética de progenies de *Prosopis alba*. *Investigación agraria. Sistemas y recursos forestales* 10(1): 59-68.
- López Lauenstein D.; C. Vega; R. Ritter; P. Venier; C. A. Gómez y A. R. Verga. 2012. *Ensayos de orígenes de Prosopis alba*. En: Reunión Nacional del Algarrobo; 13-14 noviembre; 2012; Córdoba, Argentina. Córdoba: Encuentro Grupo Editor. 65-67p.
- Marasciulu, L. A. 1977. *Nonparametricand distribution. Free Methods fpr the Social Sciences*. Chapter 12. California. p.299-324.
- McKay, J. K.; C. E. Christian; S. Harrison and K. J. Rice. 2005. 'How Local Is Local?'- A Review of Practical and Conceptual Issues in the Genetics of Restoration. *Restoration Ecology* 13 (3):432-440.

- Mottura, M. C. 2006. *Development of Microsatellites in Prosopis spp. and their Application to Study the Reproduction System*. Dissertation Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the Degree of Doctor of Forestry Science at the Faculty of Forest Sciences and Forest Ecology, Georg-August University of Göttingen [en línea] [fecha de consulta: febrero 2015] p.217. Disponible en: <https://ediss.uni-goettingen.de/bitstream/handle/11858/00-1735-0000-0006-B100-F/mottura.pdf?sequence=1>.
- Mottura, M. C.; R. Finkeldey; A. R. Verga y O. Gailing. 2005. Development and characterization of microsatellite markers for *Prosopis chilensis* and *Prosopis flexuosa* and cross-species amplification. *Mol. Ecol. Notes* 5: 487-489.
- Peakall R. and P. E. Smouse. 2006. GenAEx 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6(1): 288-295.
- Rohlf, F. J. 1993. *NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.01e*. Exeter Publishing Ltd., Setauket, New York, USA. 32p.
- Roldán Bernhard, S. 2007. *Teledetección Espacial para el Estudio de la Distribución Geográfica de Algarrobales en el Chaco Argentino*. III Jornadas Forestales de Santiago del Estero. Junio 2007. Facultad de Ciencias Forestales de la Universidad Nacional de Santiago del Estero (FCF UNSE) ISSN 1669-5070. [en línea] Disponible en: <http://fcf.unse.edu.ar/index.php/cs-events/iii-jornadas-forestales-de-santiago-del-estero-el-bosque-nativo-propuestas-productivas-sustentables>.
- Salto, C. S. y C. R. López. 2012. *Variación genética en progenies de polinización abierta de Prosopis alba Griseb. de la Región Chaqueña*. Actas Reunión Nacional del algarrobo. Córdoba. p. 100.
- Sosa, P. 2001. Genes, Poblaciones y Especies. En: Martín-Esquivel J. & J.M. Fernández-Palacios (eds.). *Naturaleza de las islas Canarias*. Publicaciones Turquesa. Tenerife, España, p.151-155.
- Torales, S. L. 2013. De novo assembly and characterization of leaf transcriptome for the development of functional molecular markers of the extremophile multipurpose tree species *Prosopis alba*. *BMC Genomics* 14(1): 705.
- Torggler, M. 1987. Variação Genética entre Progenies dentro de Procedências de *E. saligna*. Tesis de Maestría. ESALQ - Universidad de San Pablo, Piracicaba, S.P. Brasil, 198 p.
- Ugalde, L. 1981. Conceptos Básicos de Dasometría - Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza-Catie- programa de recursos naturales renovables. Turrialba Costa Rica. [en línea] Disponible en: <http://orton.catie.ac.cr/repdoc/A5909e/A5909e.pdf>.
- Verga, A. R. 2005. Recursos Genéticos, Mejoramiento y Conservación de Especies del Género *Prosopis* en: *Mejores árboles para más forestadores: El Programa de Producción de Material de Propagación Mejorado y el Mejoramiento Genético en el Proyecto Forestal de Desarrollo* Eds: Carlos A. Norberto. SAGPyA-BIRF.
- Verga, A. R. 2013 Rodales semilleros de *Prosopis* a partir del bosque nativo. *Quebracho* 19(1,2): 125-138.
- Verga, A. R.; D. López Lauenstein; C. R. López; M. Naval; J. Joseau; C.A. Gómez, O. M. Royo; W. Degano y M. Marcó. 2009. Caracterización Morfológica de los algarrobos (*Prosopis sp.*) en las Regiones Fitogeográficas Chaqueña y Espinal Norte de Argentina. *Quebracho* 17(1,2): 31-40.
- Weller, S. G.; A. K. Sakai and C. Straub. 1996. Allozyme Diversity and Genetic Identity in *Schiedea* and *Alsinidendron* (Caryophyllaceae: Alsinoideae) in the Hawaiian Islands. *Evolution* 50: 23-34.
- Wright, S., 1951 The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* 15: 323-354.

