

ESTUDIOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN *SALIX HUMBOLDTIANA*

Investigador USAL: López, Micaela (micaela.lopez@usal.edu.ar).

Investigadores Externos: Torales, Susana; Cerrillo, Teresa; Pomponio, María Florencia.

Alumnos Practicantes USAL: Mirra, Fabiana; Vázquez, Camila.

Palabras clave: Sauce criollo; *S. humboldtiana*; SSRs; Diversidad genética.

Resumen

Argentina es el país con mayor superficie cultivada con sauces en América. Se estima que hay plantadas 83 000 hectáreas con salicáceas en el Delta del Paraná, de las cuales 85% corresponden a sauces. En Sudamérica, la única especie nativa es el sauce criollo, *Salix humboldtiana* Willd, que tiene una dispersión amplia en nuestro país, desde la Patagonia hasta Salta, Jujuy y Formosa, en el extremo norte. Entre sus diversos usos, se pueden mencionar el maderero, medicinal, ornamental, forrajera para ganado, melífera y para restauración de zonas ribereñas erosionadas.

En las riberas e islas del Río Paraná, Paraguay y tributarios, debido a la presencia de especies exóticas de sauces introducidas en su área de distribución natural y a la fácil hibridación con estas, se encuentra amenazada la persistencia de la información genética del sauce nativo.

El objetivo de este proyecto es el estudio de la diversidad genética de la especie a través de marcadores moleculares (SSRs), con el fin de rescatar individuos puros que sean útiles para los programas de conservación y mejora. El programa de mejoramiento de esta especie se encuentra en una etapa inicial que consiste en introducciones de estacas, propagación y análisis genético de los individuos. Hasta el momento, se han estudiado 30 individuos de la región del Delta del Paraná en Victoria, Entre Ríos, y en Formosa, y cinco individuos de otras especies e híbridos: *Salix alba*, *Salix babilónica* var *Sacramento* y *Salix nigra* Alonso, y los híbridos Yaguareté y *matsudana* x *alba*.

En este estudio, se realizó la extracción de ADN de hojas jóvenes y se utilizaron marcadores moleculares del tipo “microsatélite” (SSRs). Los SSRs consisten en repeticiones de 1, 2, 3 o 4 nucleótidos de ADN presentes en el genoma y las diferencias entre estas repeticiones permiten distinguir individuos y así caracterizar poblaciones. Se utilizó la técnica de PCR (reacción en cadena de la enzima polimerasa), que permite obtener muchas copias de un fragmento de ADN que contenga los SSRs para ser visualizadas mediante una técnica conocida como “electroforesis en geles de poliacrilamida”.

En total, 20 SSRs fueron analizados, de los cuales 14 no presentaron diferencias (monomórficos), por lo que no resultan útiles para el análisis de esta población. Por otro lado, 6 presentaron diferencias (polimórficos) y serán utilizados para determinar la diversidad genética en los materiales estudiados.

Además, el resultado de este estudio sugirió que las muestras analizadas corresponderían a indi-

viduos de *Salix humboldtiana* puros.

Keywords: Sauce Criollo; *S. humboldtiana*; SSRs; genetic diversity.

Abstract

Argentina is the country with the largest cultivated area with willows in America. About 83,000 hectares are planted with *Salicaceae* in Delta del Paraná, 85% of which correspond to willows. In South America, the only native species is the *sauce criollo*, *Salix humboldtiana* Willd, with a wide dispersion in our country, from Patagonia to Salta, Jujuy and Formosa. Among its various uses, timber, medicinal, ornamental and forage production for livestock, and honey production for restoration of eroded riparian areas can be mentioned.

In the riverbanks and islands of the Paraná and Paraguay rivers, and their tributaries, the presence of willow exotic species introduced in their natural distribution area and the easy hybridization with them are threatening the persistence of the genetic information of the native willow.

The objective of this project is to study the genetic diversity of the species through microsatellite molecular markers (SSRs), in order to rescue individuals that are useful for conservation and improvement programs. The genetic improvement program for this species is at initial stage, and it consists in the introduction of stakes, propagation and genetic analysis of individuals. So far, 30 individuals from Delta del Paraná in Victoria, Entre Ríos, and from Formosa, and 5 individuals from control species and hybrids (*Salix alba*, *Salix babilónica* var *Sacramento* and *Salix nigra* Alonso, and the hybrids Yaguareté and *matsudana* x *alba*) have been studied.

DNA young leaves was extracted, and microsatellite molecular markers (SSRs) were used. SSRs consist in 1, 2, 3 or 4 repetitions of DNA nucleotides present in the genome. The differences among these repetitions are used to identify individuals and, thus, characterize populations. The PCR technique (polymerase enzyme chain reaction), which allows obtaining many copies of a DNA fragment containing SSRs, was performed. The products were visualized through a known technique named “electrophoresis in polyacrylamide gels”.

In total, 20 SSRs were analyzed, out of which 14 showed no differences (monomorphic), therefore, they can not be used to analyze this population. However, 6 showed differences (polymorphic), hence they will be used to determine the genetic diversity of the genotypes under study.

Furthermore, the study results suggested that the samples analyzed would correspond to *Salix humboldtiana* individuals.