

Diversidad genética. Importancia y aplicaciones en el mejoramiento vegetal

Genetic diversity. Importance and applications in plant breeding

Graciela Caruso, Viviana Broglio & Mariana Pocovi

Consejo de Investigación de la Universidad Nacional de Salta. Facultad de Ciencias Naturales
Universidad Nacional de Salta. Av. Bolivia 5150. (4400) Salta. gbaruso@gmail

Recibido: 09/08/2015 Aceptado: 07/09/2015

Resumen

La diversidad genética, entendida en sentido amplio, como la variación de genes dentro y entre especies, posee una organización multidimensional compleja. Su comprensión se basa en el grado de similitud (o diferencia) entre pares de unidades. Si bien la variabilidad genética es materia prima de la evolución, al mismo tiempo, los factores que producen el cambio evolutivo, la modelan. Cuando una especie se extingue se pierde su genoma y también su variación genética, por lo tanto es posible afirmar que determina el potencial de respuestas que permiten la supervivencia y la adaptación. Una de las razones más importantes para conservar la diversidad genética es el mantenimiento de este potencial. Los humanos hemos aprovechado la variabilidad genética y hemos “domesticado” especies de plantas y animales por medio de la selección artificial. La domesticación y la mejora producen reorganización de la variabilidad genética reduciendo las diferencias entre individuos dentro de un grupo, e incrementando las diferencias entre grupos, lo que provoca una modificación de la estructura de la diversidad genética. Desde 1900 tres cuartas partes de la diversidad de los cultivos se ha perdido y se han detectado altos niveles de vulnerabilidad genética, lo cual amenaza la seguridad alimentaria mundial, resultando indispensable evitar “la erosión genética”. La caracterización de la variabilidad genética de distintas poblaciones es crítica para plantear estrategias de conservación “*in situ*” o “*ex situ*”, ya sea en bancos de germoplasma como en programas de mejora. En este contexto se hace uso tanto de caracteres morfo-fisiológicos como de marcadores moleculares. Los primeros presentan limitantes como la influencia ambiental, su difícil y costosa medición; además, la información genética recuperable a partir de ellos es restringida. Los marcadores moleculares permiten estimar la diversidad genética neutral, hacer comparaciones entre individuos, poblaciones y especies o grupos taxonómicos mayores y establecer relaciones de paternidad, parentesco y filogenéticas. También es posible analizar procesos de flujo y deriva de genes en las poblaciones.

La caracterización de la diversidad genética facilita la clasificación de los materiales, la detección de duplicados, la identificación del origen geográfico y la determinación de puntos de máxima variabilidad. De esta manera se contribuye al manejo de las colecciones, permitiendo tanto la elección de parentales dónde buscar nuevos alelos para ampliar la base genética de los materiales, como la explotación más adecuada de la heterosis. Dada la importancia de los recursos genéticos, en las últimas décadas se han realizado esfuerzos para elaborar documentos que incluyan desde definiciones, hasta acuerdos regulatorios de su conservación, uso y disponibilidad. En la Facultad de Ciencias Naturales de la Universidad Nacional de Salta, se han desarrollado y desarrollan proyectos vinculados al uso o mejoramiento genético de especies de importancia regional, siendo el punto de partida, el análisis de su diversidad genética.

Palabras clave: Biodiversidad, Cultivos, Domesticación, Genética de poblaciones, Germoplasma

Abstract

Genetic diversity usually refers to genetic variations within and among species. Genetic diversity has a multidimensional and complex organization. Its knowledge found on similitude (or differences) gradation between units' pairs. Genetic diversity is raw material for evolution and, at the same time, evolution forces to shape it. Species extinction causes the loss of their genome and their genetic variation. As a result, it can be asserted that genetic diversity conditions the potential responses permitting survival and adaptation. One of the most important reasons to preserve genetic diversity is the maintenance of this potential. Human beings have made maximum use of genetic variability, such as the “domestication” and “breeding” of many species by artificial selection. These processes had caused the genetic variability reorganization from differences among individuals, within species, to differences between groups.

This situation causes modification in the genetic diversity structure. Since 1900, three-quarter from the genetic diversity of crops had been lost and high levels of genetic vulnerability have been detected. As this condition poses a major threat to the global food safety, it is essential to avoid “genetic erosion.” The characterization of genetic variability for different populations is critical in order to outline conservation strategies either “*in situ*” or “*ex situ*” for genebanks or breeding programs. The characterization is performed using both morpho-physiologic traits and molecular markers. The former has restrictions on the environmental influences, costs and the difficulties of their measuring. In addition, the genetic information provided is limited. Molecular markers allowed to estimate neutral genetic diversity, and to establish the relationships between individuals, populations, species or major taxonomic groups. Moreover, molecular markers are used to set paternity relationships and phylogenetic connections as well as to analyze genetic flow and genetic drift in populations. Information on genetic diversity facilitates the classifying materials, detecting duplicity, identifying geographic origin, and determining the point of highest variability. In this respect, the germplasm collection management becomes easier as the knowledge of genetic diversity permits the choice of parents to increase the genetic basis and the appropriate heterotic exploitation. Considering the genetic resources importance, many efforts have been done in the last and in order to develop documents including definitions, regulatory agreements about their conservation, uses and availability. At the Facultad de Ciencias Naturales (Universidad Nacional de Salta) projects related to breeding species, with regional importance, are under way. For this purpose analyses of the genetic diversity are being performed.

Key words: Biodiversity, Crops, Domestication, Germplasm, Population Genetics.

Marco de referencia

La Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN) define la biodiversidad como la variabilidad de la vida en la Tierra. Según Wilson (Núñez *et al.* 2003), comprende “toda la variación de la base hereditaria en todos los niveles de organización, desde los genes en una población local o especie, hasta las especies que componen toda o parte de una comunidad local, y finalmente en las mismas comunidades que componen la parte viviente de los múltiples ecosistemas del mundo”. Estos niveles jerarquizados describen aspectos muy diferentes de los sistemas vivos, incluyendo a los procesos evolutivos y ecológicos que se dan a nivel de genes, especies y ecosistemas.

En un sentido amplio, se entiende por diversidad genética la variación de los genes dentro y entre especies. Puede ser vista y comparada en tres niveles: entre individuos de una población, entre poblaciones dentro de la misma especie y entre las diferentes especies (Glowka *et al.* 1996).

Al igual que en los otros niveles, en la diversidad genética podemos reconocer tres atributos: composición, estructura y función. La composición es la identidad y variedad de los elementos constitutivos (genes). La estructura refleja la cantidad y distribución de la variación genética dentro y entre las poblaciones de una especie. La función corresponde a los procesos evolutivos responsables de la dinámica de los genes en las poblaciones y que configuran la estructura genética de la diversidad.

La diversidad genética tiene una organización multidimensional compleja y su comprensión se basa en el grado de similitud (o diferencia) entre pares de unidades (individuos, poblaciones, accesiones, variedades, etc.) valorada a través de caracteres que son compartidos.

Tanto la generación de diversidad genética como su erosión, son fenómenos distintivos de la evolución. La variabilidad genética es materia prima de la evolución (tenga lugar en condiciones naturales, o resulte de la domesticación y mejoramiento de especies) y al mismo tiempo, los factores que producen el cambio evolutivo la modelan. Cuando una especie se extingue se pierde su genoma y también su variación genética.

Ante las condiciones cambiantes del medio, la diversidad genética determina el potencial de respuestas que permitan la supervivencia y la adaptación (Glowka *et al.* 1996; Fontdevila & Moya 1999). Una de las razones más importantes para conservar la diversidad genética es el mantenimiento de este potencial.

La FAO (1998) distingue tres valores (valor “portfolio”, valor de “opción” y valor de “exploración”) en relación a las funciones de la variabilidad genética:

La diversidad genética ayuda a proporcionar estabilidad a los sistemas agrícolas a nivel local, nacional y mundial al suavizar la variabilidad del rendimiento, a través del mantenimiento de una amplia gama de cultivos y de diversidad dentro de los cultivos (valor portfolio). Las pérdidas debidas a la falta de un determinado cultivo o variedad se compensan por el rendimiento de otros cultivos o variedades.

La diversidad genética proporciona un seguro (valor de opción) frente a futuras condiciones adversas. Los recursos genéticos pueden proporcionar características útiles, tales como la resistencia a nuevas enfermedades o la adaptabilidad a nuevas condiciones climáticas.

La diversidad genética representa un valor potencial, aún con los recursos desconocidos (valor de la exploración), razón para mantener los ecosistemas silvestres y los sistemas agrícolas tradicionales.

Los seres humanos hemos aprovechado la variabilidad genética y “domesticado” por medio de la selección artificial numerosas

especies; al hacerlo hemos creado una multitud de variedades de plantas cultivadas y razas de animales. Durante estos procesos, es frecuente el descenso de los tamaños efectivos poblacionales (“cuellos de botella”). Sea como consecuencia del programa de mejora o por reducción del tamaño poblacional, el aumento de la consanguinidad reduce la variabilidad genética, aumentando el riesgo de extinción frente a cambios ambientales. La reorganización de la variabilidad genética desde diferencias entre individuos dentro de una especie, a diferencias entre grupos (variedades y razas), constituye una modificación de la estructura de la diversidad genética. Se hace evidente la paradoja entre la generación de productos uniformes (cultivos, razas) con escasa variabilidad en su interior y la necesidad de contar con variabilidad genética para continuar con los procesos de mejoramiento, sean plantas o animales.

A lo largo de la historia de la humanidad, se han cultivado alrededor de 7000 especies de plantas para su consumo. La gran profusión de variedades garantizó los alimentos y otros productos necesarios para la supervivencia y el desarrollo de las poblaciones humanas en todo el mundo, a pesar de las plagas, las enfermedades, las fluctuaciones climáticas y otros acontecimientos medioambientales inesperados. En la actualidad, sólo aproximadamente el 30 % de los cultivos satisface el 95 % de las necesidades de energía alimentaria de la humanidad, cuatro de los cuales (arroz, trigo, maíz y papa) representan más del 60% de nuestra ingesta de energía (FAO 2015).

Desde 1900 unas tres cuartas partes de la diversidad genética de los cultivos se ha perdido, a medida que la deforestación, la urbanización, la modificación de zonas pantanosas y el cultivo de tierras de secano han ido destruyendo los hábitats de muchos de los progenitores silvestres. Los esfuerzos de mejoramiento de los últimos 50 años, han determinado que junto a mayores niveles de productividad se detecten altos niveles de vulnerabilidad genética, lo cual amenaza el logro de aumentos sostenidos en el potencial de rendimiento.

La “vulnerabilidad genética” resulta cuando un cultivo ampliamente difundido es uniformemente susceptible a una peste, patógeno o riesgo ambiental como resultado de su constitución genética, creando así un potencial de pérdidas generalizadas en las cosechas. Una de las principales causas de ello es la dispersión o reemplazo de variedades locales genéticamente diversas por variedades modernas homogéneas. La extensión de la uniformidad no siempre es aparente, debido a que los pedigrís de los materiales, en muchos casos, no están disponibles aún para la mayoría de los cultivos tradicionales (FAO 2011).

Debido a la dependencia de un número relativamente reducido de cultivos para garantizar la seguridad alimentaria mundial, es indispensable evitar “la erosión genética” con el fin de abordar el creciente estrés medioambiental y ofrecer oportunidades a los agricultores y los investigadores de producir cultivos que puedan prosperar en condiciones desfavorables, introducir nuevas características y desarrollar nuevos usos (FAO 1998). La erosión genética es la pérdida de diversidad genética, incluyendo la pérdida de genes individuales y de complejos de genes, tales como aquellos presentes en las variedades localmente adaptadas.

Los cultivos vegetales necesitan renovarse cada 5 a 15 años, la manera más eficaz de dotar a los cultivos con mejores características es cruzar variedades o especies vegetales domésticas con germoplasma silvestre. Las diferencias alélicas, genotípicas y de complejos de genes entre los acervos génicos de los materiales, determinan que una incorporación directa de variabilidad desde el germoplasma silvestre no sea exitosa. Resulta necesario establecer,

en etapas previas al mejoramiento, un proceso que torne viable la transferencia de variabilidad genética útil, manteniendo los complejos de genes presentes en el material elite. El pre mejoramiento o valorización genética de germoplasma es la respuesta a estos requerimientos, especialmente cuando la estabilidad y productividad de los cultivos agrícolas está en parte supeditada a la eficacia de los métodos para ampliar su base genética.

Un gran desafío para la humanidad es el de utilizar los recursos naturales en forma sostenible, de modo de satisfacer las necesidades de las generaciones presentes, pero asegurando la base para las generaciones futuras. Este uso sustentable se presenta en el marco de otros desafíos, tales como la necesidad de un crecimiento económico equilibrado, la conservación del ambiente, la reducción de la pobreza, la radicación en el medio rural y el mantenimiento de los conocimientos tradicionales.

En 2001 la Conferencia de la FAO, adoptó el Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (FAO 2001). Este Tratado, jurídicamente vinculante y que está en consonancia con el Convenio sobre la Diversidad Biológica, define los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (RFAA) como “cualquier material genético de origen vegetal de valor real o potencial para la alimentación y la agricultura”. Incluye a las especies cultivadas en todas sus modalidades y sus parientes silvestres. También se considera como recurso genético “a genes de especies, géneros, e inclusive a reinos distintos, que sean de interés actual o potencial para introducir un nuevo carácter o una mejora de los caracteres de un cultivo en particular”.

En este contexto surge la aparente contradicción entre garantizar la disponibilidad pública de los productos obtenidos y el derecho de los obtentores. La finalidad social de proteger los resultados de las inversiones realizadas tiene como objeto promover nuevas tecnologías y ofrecer alicientes y recursos para financiar las actividades de investigación y desarrollo. Una serie de Derechos de Propiedad Intelectual (Derechos de Patentes y Derechos del Obtentor de Variedades Vegetales) están contemplados en el Convenio de Diversidad Biológica.

Los programas desarrollados para la colección, conservación, caracterización y utilización de los recursos genéticos en la agricultura promueven el mantenimiento de la variación genética contenida dentro y entre especies, no sólo para evitar la extinción, sino también para conseguir una oferta permanente de genes para las necesidades de los programas de mejora genética (Esquinas-Alcázar 2005). El Tratado destaca las ventajas de adoptar un sistema multilateral de acceso a los RFAA y de reparto de los beneficios obtenidos de su utilización y provee el marco legal para garantizar el fácil acceso a grandes colecciones de RFAA de los cultivos más relevantes para la agricultura (Beretta & Rivas 2001).

La conservación de los recursos fitogenéticos está orientada en tres ejes: la conservación *in situ*, la conservación *ex situ* y el uso sustentable de los componentes de la biodiversidad. Estas modalidades son complementarias y permiten garantizar la conservación del patrimonio genético de las especies y sus poblaciones, en el mediano y largo plazo. (Esquinas-Alcázar 2005).

A partir de los años setenta, con la creciente disminución de la biodiversidad, se estimuló el desarrollo de acciones que revirtieran esta situación, creando bancos de germoplasma para la conservación *ex situ*. Los bancos de germoplasma tienen como objetivo preservar el espectro de la variabilidad genética dentro de las especies cultivadas y sus parientes silvestres, y corregir la uniformidad derivada de las prácticas de mejoramiento genético.

Uso de la diversidad genética a nivel local

En la Facultad de Ciencias Naturales de la Universidad Nacional de Salta, se desarrollan o han desarrollado proyectos vinculados al uso o mejoramiento genético de especies de importancia regional (caña de azúcar, kenaf, frutilla, tomate, chilto (Broglia *et al.* 2011, Broglia *et al.* 2013, Caruso *et al.* 2013, Caruso *et al.* 2011, Ferreira *et al.* 2002, Gilardón 2007; Gilardón *et al.* 2002; Gilardón *et al.* 2004, Gray *et al.* 2006; Lucatti *et al.* 2010; Machado *et al.* 2011, Mariotti *et al.* 2011, Pocovi *et al.* 2008, Pocovi *et al.* 2010, Quipildor *et al.* 2012) En este contexto se trabaja caracterizando y utilizando la diversidad genética de materiales disponibles. La diversidad genética de poblaciones de ciertas especies que constituyen plagas o producen enfermedades en estas especies, también ha sido objeto de estudio (Galagovsky & Pocovi 2006, Flores *et al.* 2003; Rech *et al.* 2008). Contar con esta información es de interés a la hora de orientar el mejoramiento de las especies vegetales.

Además de la conservación y mantenimiento, los bancos de germoplasma son fundamentales en el gerenciamiento de los recursos fitogenéticos ya que entre las actividades que se desarrollan está la documentación, la caracterización, la evaluación de la variabilidad genética, el análisis filogenético, el mejoramiento de caracteres y la multiplicación y distribución del germoplasma. La adecuada gestión de un banco de germoplasma demanda del conocimiento apropiado de la diversidad genética que conserva.

Históricamente, los estudios de diversidad genética en plantas han estado relacionados con datos arqueológicos, botánicos, lingüísticos, históricos y morfológicos. En el caso de los materiales de un banco de germoplasma, la diversidad genética se puede definir como el grado en el cual el material hereditario diferencia una colección de plantas. Para ello se utiliza un enfoque multivariado, estimando medidas de similitud o distancia entre pares de unidades. Es posible entonces la formación de grupos más o menos homogéneos que comparten un patrón o una estructura de diversidad particular.

En este sentido, para medir la diversidad genética, se han empleado dos enfoques básicos: el agrupamiento basado en los datos del pedigrí y el generado a partir de caracteres: agrícolas, morfológicos y/o moleculares (Avisé 2004).

Las clasificaciones con datos de pedigrí utilizan el grado de co-ascendencia de dos unidades, se cuantifica generalmente a través de coeficientes de parentesco (Falconer & Mackay 1996). Este enfoque tiene la limitación de requerir que el pedigrí del material estudiado sea conocido, lo que raramente sucede.

La descripción morfológica de órganos vegetativos y reproductivos, de rasgos agronómicos clásicos y de susceptibilidad a factores de estrés, patógenos y enfermedades ha sido de gran utilidad para la caracterización y evaluación de los recursos genéticos. Estos descriptores de valor agronómico y comercial, son atributos, tanto de alta como de baja heredabilidad, medidos a través del fenotipo. Las principales limitantes de esta caracterización son la influencia ambiental, el tiempo requerido para coleccionar los datos y el reducido número de genes factibles de analizar (Demey *et al.* 2003). Como consecuencia, su medición es difícil y costosa y la información genética recuperable, restringida. Existe un gran número de colecciones de germoplasma que contienen genotipos con un alto valor agronómico, sin embargo, en muchas ocasiones se desconocen las relaciones existentes entre el material disponible, lo que hace menos provechosa su utilización en mejoramiento. Inclusive pueden existir materiales ingresados como accesiones diferentes que resultan ser duplicaciones, lo cual conlleva a una sobreestimación *a priori* de la diversidad existente y al uso inapropiado de los recursos.

En las últimas décadas han habido innumerables esfuerzos para desarrollar técnicas que permitan conocer más directamente la variación genética y no a través de los fenotipos, lográndose un notorio aumento en los marcadores genéticos disponibles para estudios de diversidad. Su aplicación permite determinar la estructura genética, tanto en las poblaciones naturales como cultivadas y estudiar el grado de similitud entre y dentro de las unidades de estudio, evitando el efecto ambiental.

Los Marcadores Genéticos en Estudios de Diversidad Genética

Los caracteres bioquímicos y moleculares pueden considerarse como marcadores genéticos, dada su determinación por uno o pocos genes y escasa o nula influencia ambiental. La utilización de marcadores bioquímicos es acotada por su reducido número, que no cubre toda la extensión del genoma, por sus interacciones o modificaciones postranscripcionales, y por su diferente expresión en distintos tejidos (Avisé 2004).

Los marcadores moleculares proveen gran cantidad de información, son altamente polimórficos, cubren todo el genoma y su evaluación es posible en estadios muy tempranos del desarrollo, utilizando pequeñas porciones de material biológico que no destruyen el individuo; no presentan interacciones intergénicas, tienen mayor reproducibilidad y presentan herencia simple y a menudo codominancia (Avisé 2004). Permiten estimar la diversidad genética neutral, hacer comparaciones entre individuos, poblaciones (también variedades o razas) y especies o grupos taxonómicos mayores y establecer relaciones de paternidad, parentesco y filogenéticas y analizar procesos de flujo y deriva de genes en las poblaciones. Entre los más usados para caracterizar y evaluar la variabilidad genética se encuentran los RFLP, RAPD, AFLP, SSR, ISSR, SNP (Cubero 2013).

La aplicación de los marcadores de ADN ha facilitado también la clasificación de los materiales, la detección de duplicados, la identificación del origen geográfico y la determinación de puntos de máxima variabilidad. Esta información facilita el manejo de las colecciones de germoplasma, ya que permite tanto elegir parentales donde buscar nuevos alelos para ampliar la base genética de los materiales, como la explotación más adecuada de la heterosis (Avisé 2004).

Conocer la similitud genética entre los individuos y las poblaciones es de gran utilidad en los programas de mejoramiento genético facilitando la organización del material, la selección adecuada de los genotipos superiores y la complementación con datos fenotípicos y agronómicos para el desarrollo de una población mejorada.

En cualquier caso, es posible esperar clasificaciones disímiles, porque cada tipo de descriptor reflejará aspectos diferentes de la diversidad genética asociados al tipo de medición y a la resolución del marcador. Las divergencias entre los análisis basados en datos agromorfológicos y los basados en datos moleculares se sustentan en que los cambios agronómicos y/o morfológicos no siempre están asociados a las variaciones moleculares estudiadas, ya que responden a reglas y presiones evolutivas diferentes. El principal argumento en favor de la utilización de caracteres moleculares es que son universales, abundantemente informativos y trabajan directamente con la base genética de la variación. Los estudios que incluyen caracteres morfológicos, en cambio, no permiten establecer diferencias en fases tempranas, son poco informativos (la lista de descriptores utilizados raramente excede los 100 caracteres) y adicionalmente son arbitrarios porque su codificación está más bien influenciada por la habilidad o experiencia del responsable

de la clasificación. Sin embargo, los caracteres agromorfológicos son la base de muchas características varietales que tienen un valor económico directo indudable. Por tanto, estudios que incorporen ambos tipos de descriptores (morfológicos y moleculares) proveerán un mejor conocimiento e interpretación de la diversidad genética (Demey *et al.* 2003).

Dependiendo de las características de las poblaciones en estudio y de los objetivos, para cuantificar la variabilidad genética se han propuesto diferentes parámetros basados en la distribución de frecuencias génicas y genotípicas. Los más frecuentemente usados son: la Proporción de Loci Polimórficos, el Número de Alelos por Locus, la Heterocigosis Media, el Contenido de Información Polimórfica (Botstein *et al.* 1980; Lewontin 1974). En muchos casos es de interés la contribución de los individuos y de los grupos a la diversidad total, es decir conocer la estructura genética, para lo que Sewall Wright propuso la utilización de los Índices de Fijación (F) (Fontdevila & Moya 1999). Las técnicas de AMOVA permiten generar información equivalente cuando sólo se cuenta con datos de frecuencias génicas.

El abordaje para estudiar la diversidad genética descomponiendo los aportes de los individuos y los grupos (en diferentes jerarquías) a la variabilidad genética total, ha generado una visión más amplia sobre la conservación de la bio diversidad también a otros niveles. Sea en condiciones naturales o “*ex situ*”, en la conservación de recursos genéticos la cuantificación de la diversidad genética es una acción fundamental.

Referencias

- Avisé J.C. 2004. Molecular Markers. Natural History and Evolution. Chapman & Hall, New York. 511pp.
- Beretta, A. & Rivas, M. (Coord). 2001. Estrategia en recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur. PROCISUR. Uruguay. 177pp.
- Botstein, D.; White, R.L.; Skolnick, M. & Davis, R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet*, 32: 314–331.
- Brogliá, V.; Caruso G.; Pocoví, M.; Hernández, C. & Méndez-Pacheco, C. 2011. Análisis Genético de Caracteres de Calidad de Fruto en Tomate. *Actas XL Congreso Argentino de Genética* 1: 207-208.
- Brogliá, V.; Caruso, G.; Hernandez, C. & Pocovi, M. 2013. Evaluación de la Calidad de Fruto en una Línea de Tomate con Introgresión de Germoplasma Silvestre. Fruit Quality Assessment of Tomato Breeding Line with Wild Introgression. *Actas XXXIV Jornadas Argentinas de Botánica*. Consultado en: http://www.conicet.gov.ar/new_scp/detalle.php?keywords=&id=22622&inst=yes&congresos=yes&detalles=yes&congr_id=2130897. Diciembre 2014.
- Brogliá, V.; Caruso, G.; Pocoví, M.; Hernandez, C. & Gilardon E. 2009. Caracterización fenotípica y genética de una línea de premejora de tomate. *Horticultura Argentina* 28(67): 66-67.
- Caruso G.; Brogliá V.; Pocoví M. & Méndez-Pacheco C. 2011. Detección de SSR Asociados a Caracteres de Calidad de Fruto en Tomate. *Actas XL Congreso Argentino de Genética* 1:206-207.
- Caruso, G.; Brogliá, V. & Pocoví, M. 2013. Marcadores Microsatélites Asociados a Componentes del Color y Contenido de Licopeno en Frutos de Tomate. *RedBio 2013.VIII Encuentro Latinoamericano y del Caribe de Biotecnología*.
- Collavino, G.; Pocoví, M.; Locatelli, F.M.; Pacheco, M.G.; Díaz, D.; Ríos, R. & Mariotti, J. 2008. Aplicación de técnicas isoenzimá-

- ticas y moleculares en El Programa de Mejoramiento Genético de La Caña de Azúcar. IDIA XXI. Cultivos Industriales VIII (10): 6-9.
- Cubero, J.I. 2013. Introducción a la mejora genética vegetal. Mundi-Prensa Libros S.A. Madrid. 565pp.
- Demey, J.R.; Zambrano, A.Y.; Fuenmayor, F.; & Segovia, V. 2003. Relación entre caracterizaciones molecular y morfológica en una colección de yuca. *Interciencia* 28(12): 684-689. Consultado en: http://www.scielo.org.ve/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0378-18442003001200004&lng=es&nrm=iso. ISSN 0378-1844. Febrero 2015.
- Esquinas-Alcázar J. 2005. Protecting crop genetic diversity for food security: political, ethical and technical challenges. *Nature Reviews Genetics* 6: 946-953.
- Flores, L.V.; Gilardón, E.; & Gardenal, C.N. 2003. Genetic structure of populations of *Tuta absoluta* Meyrick (Lepidoptera: Gelechiidae). *Journal of Basic and Applied Genetics* XV (2): 47-54.
- Falconer, D.S. & Mackay, T. F. C. 1996. Introducción a la Genética Cuantitativa. Editorial Acribia. Zaragoza (España). 699pp.
- FAO.1998. The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture. Consultado en <http://www.fao.org/WAICENT/FAOINFO/AGRICULT/AGP/AGPS/Pgrfa/pdf/swrfull.pdf>. Diciembre 2015.
- FAO. 2001. Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura. Consultado en <ftp://ftp.fao.org/ag/cgrfa/it/ITPGRs.pdf>. Marzo 2014.
- FAO. 2011. El Segundo Informe sobre el estado de los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura en el Mundo. Consultado en <http://www.fao.org/docrep/014/i1500S/i1500s.pdf>. Marzo 2015.
- FAO. 2015. Ecosistemas, biodiversidad, genética. La agenda de desarrollo post-2015 y los objetivos de desarrollo del milenio. Consultado en <http://www.fao.org/post-2015-mdg/14-themes-ecosystems-biodiversity-genetics/es/>. Febrero 2015.
- Ferreira, M.; Pocovi, M., Collavino, G. & Gray, L. 2002. Resultados Preliminares de la Caracterización Isoenzimática de Kenaf. (*Hibiscus cannabinus* L). Jornadas de Comunicaciones Internas. Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta.
- Flores, L.V.; Gilardón, E. & Gardenal, C.N. 2003. Genetic structure of populations of *Tuta absoluta* Meyrick (Lepidoptera: Gelechiidae). *Journal of Basic and Applied Genetics* XV (2): 47-54.
- Gilardón, E. 2007. Agricultural important genes derived from a cross between *Solanum lycopersicum* L. and *S. habrochaites* Knapp & Spooner (Solanaceae): 182-186. In Barbosa L M, dos Santos J N A (orgs) A botânica no Brasil: pesquisa, ensino e políticas públicas ambientais. Sociedade Botânica do Brasil, São Paulo: 680- 681.
- Gilardón, E.; Gorustovich, M.; Collavino, G.; Hernández, C.; Pocovi, M.; Bonomo, C. & Olsen, A. 2002. Resistencia de líneas de tomate a la polilla del tomate (*Tuta absoluta*) en laboratorio y a campo. *Revista Investigación Agraria. Serie Producción y Protección Vegetales INIA* 17(1): 35-42.
- Gilardón, E.; Pocovi, M.; Hernández, C.; Collavino, G. & Broglia, V. 2004. Long Shelf-Life In tomato breeding lines derived from an interspecific crossing. In: Book of Abstracts of The First Solanaceae Genome Workshop. Wageningen, The Netherlands, Sept. 19-21: 80.
- Fontdevila, A. & Moya, A. 1999. Introducción a la Genética de Poblaciones. Ed. Síntesis. Madrid. 349pp.
- Galagovsky, D. & Pocovi, M. 2006. Estructura genética poblacional de *Diatraea saccharalis* en el norte de Argentina. Tesis de grado. Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta. 73pp. http://editorial.unsa.edu.ar/pmb/opac_css/index.php?lvl=author_see&id=12352
- Glowka, L.; Burhenne-Guilmin, F. & Synge, H. 1996. Guía del Convenio sobre Diversidad Biológica. Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza y los Recursos Naturales. Environment Policy and Law Paper 30, 179pp.
- Gray, L.N.; Collavino, N.G.; Simón, G. & Mariotti, J.A. 2006. Diallelic analysis of genetic effects determining days to flowering in kenaf. *Industrial Crops and Products* 23:194-200.
- Isola M. Broglia V. & Martín Montiel D. 2008. Análisis histológico de la pared tangencial externa de frutos de tomate de líneas de premejora. Tesis de grado. Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta. 53pp
- Lucatti, F.A.; Alvarez, A.E.; Machado, C.R. & Gilardón, E. 2010. Resistance of tomato genotypes to the greenhouse whitefly *Trialeurodes vaporariorum* (West.) (Hemiptera: Aleyrodidae). *Neotropical Entomology* 39:792-798.
- Machado, C.; Collavino, G.; Daz, M.; Pocovi, M. & Mariotti, J. 2011. Peroxidase activity: a biochemical evaluation for sugarcane brown rust resistance. *RIA* 39: 169-175
- Lewontin, R. 1979. La Base Genética de la Evolución. Barcelona. Ed. Omega. Barcelona. 344 pp.
- Mariotti, J.A.; Machado Assef, C.R.; Rech, G.; Fontana P.D.; Collavino, N.G.; Pocovi, M.; Rago, A. & Daz, M.. 2011. Avances en la investigación de la relación patógeno-hospedante y de la resistencia genética a enfermedades de la caña de azúcar en Argentina. *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics* 22 (1), 0-0
- Núñez, I.; González-Gaudiano, E. & Barahona, A. 2003. La biodiversidad: historia y contexto de un concepto. *Interciencia* 28: 387-393.
- Pocovi, M.I., Rech, G.E.; Collavino, N.G.; Caruso, G.B.; Ríos, R. & Mariotti, J. 2010. Molecular diversity of *Puccinia melanocephala* populations. *Journal of Phytopathology* 158 (11-12): 769-775.
- Pocovi, M.; Collavino, G.; Locatelli, F.; Pacheco, G.; Diaz, D.; Ríos, R. & Mariotti, J. 2008. Assessing genetic variability of subtropical hybrid sugar cane materials using isozymes and AFLP. *SugarCane International* 26: 6-22.
- Pritsch C. 2001. El pre-mejoramiento y la utilización de los recursos fitogenéticos. En: Beretta, A. y Rivas, M. (Compiladores). Estrategia en recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur. PROCISUR. Uruguay:111-121.
- Quipildor, V.; Caruso, G. & Broglia, V. 2012. Análisis de la coloración y contenido de licopeno en frutos de tomate. Tesis de grado. Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta. Ed UNSa. 60pp. Consultado en: http://editorial.unsa.edu.ar/pmb/opac_css/index.php?lvl=author_see&id=13576. Diciembre 2014.
- Rech, G., Pocovi, M.; Collavino, G.; Caruso, G.; Machado, C.; Pacheco, G.; Rago, A. & Mariotti, J.A. 2008. Population variability of sugarcane rust (*Puccinia melanocephala* Sydow H & P) in the NOA. XXXVII National Conference of Genetics. BAG 1666-0390:S-164.