


burst, and presence/absence of nests of pine processionary moth were assessed in a clonal common garden, that comprises trees from range-wide populations. Additionally, we implemented experimental approaches to assess susceptibility to the pathogens *Diplodia sapinea* and *Armillaria ostoyae* by excised shoot inoculations. The presence/absence of nests of pine processionary was not heritable, whereas heritability for height (0.156) and bud burst (0.241) was moderate. Heritability for susceptibility to pathogens was lower, 0.096 for *D. sapinea* and 0.021 for *A. ostoyae*, but still significant. Genetic correlations between traits revealed a trade-off in pathogen susceptibility between *D. sapinea* and *A. ostoyae* necrosis length. Pathogen susceptibility was also genetically correlated with tree height, positively for *D. sapinea* and negatively for *A. ostoyae*. Trees from the southern populations tended to be smaller and showed lower susceptibility to *D. sapinea* but higher to *A. ostoyae* while the opposite was found for northern Atlantic populations. Genotype-phenotype associations using 4,227 genome-wide SNPs revealed several loci significantly associated to each trait. While current breeding programs of maritime pine mainly focus on growth traits, this study provided important results to develop strategies that consider forest resilience to pathogen outbreaks.

Methodology for environmental and genetic characterization of Araucaria populations for conservation and sustainable use of genetic resources / Metodologia orientada à caracterização ambiental e genética de populações de araucária para conservação e uso sustentável dos recursos genéticos

Marcos Silveira Wrege¹, Valderês Aparecida Sousa¹, Ananda Virginia de Aguiar¹, Márcia Toffani Simão Soares¹, Elenice Fritzsos¹, Itamar Antonio Bognola¹, João Bosco Gomes¹, Leticia Penno de Sousa², Cristiane Vieira Helm, Patrícia Póvoa de Mattos¹ 

¹Embrapa Florestas, Colombo, Brasil, ²Embrapa Clima Temperado, Pelotas Brasil (marcos.wrege@embrapa.br; valderes.sousa@embrapa.br; ananda.aguiar@embrapa.br; marcia.toffani@embrapa.br; elenice.fritzsos@embrapa.br; itamar.bognola@embrapa.br; joao.bv.gomes@embrapa.br; leticia.penno@embrapa.br; cristiane.helm@embrapa.br; patricia.mattos@embrapa.br)

Araucaria angustifolia (Bertol.) O. Kuntze. está presente no bioma Mata Atlântica, predominantemente na Floresta Ombrófila Mista e se encontra na lista vermelha das espécies criticamente em perigo de extinção da IUCN, sendo vulnerável em função das mudanças climáticas. O acordo firmado pelo Brasil em 2015 na COP21 enfatiza a necessidade de “incrementar a capacidade nacional em conservação e uso sustentável da biodiversidade”. Com base nesta demanda, desenvolvemos uma metodologia orientada à caracterização ambiental e genética de populações de *A. angustifolia*, como subsídio à sua conservação e uso sustentável. O método consiste em 5 etapas: 1) definição de margens de ocorrência e seleção de regiões prioritárias para amostragens; 2) amostragens para genotipagem e dendrocronologia; 3) amostragens de solos; 4) estudo do clima e 5) identificação de nichos ecológicos das populações. Ao agregar abordagem multidisciplinar, foi possível propor novos métodos de coleta de material genético e de análise das condições pedoclimáticas, aumentando a eficácia, acurácia e segurança no processo de geração de informações referentes ao comportamento da espécie. Os resultados preliminares indicam que a maior parte das populações de *A. angustifolia* ocorre em regiões com características ambientalmente parecidas e que uma pequena parte ocorre em situações diferentes. Neste último caso, as populações devem ser priorizadas para coleta de germoplasma e é onde devem ser priorizados testes experimentais, uma vez que a chance de encontrar indivíduos mais adaptados às regiões típicas de ocorrência é maior. A metodologia desenvolvida é passível de aplicação a outras espécies florestais nativas semelhantes, com pequenas adaptações.

Geographic structuring of the genetic variability of *Ilex paraguariensis* St. Hil. in Uruguay / Estructuración geográfica de la variabilidad genética de *Ilex paraguariensis* St. Hil. en el Uruguay

Pablo Hernández¹, Alexandra Gottlieb², Arley Camargo³, Magdalena Vaio⁴, Pablo Speranza¹

¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales – Ciudad Universitaria, Pabellón II, 4to piso, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Lab; 62, C1428EHA, Buenos Aires, Argentina; ³Centro Universitario de Rivera, Universidad de la República, Rivera, Uruguay; ⁴Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay (pablohernandez27@gmail.com; alexandragottlieb@gmail.com; arley.camargo@gmail.com; magdalenavaio@gmail.com; pablorsperanza@gmail.com)

Ilex paraguariensis St. Hil. es una planta subtropical perteneciente a la familia Aquifoliaceae, posee follaje siempre verde, porte arborescente y es longeva. Su distribución natural abarca los territorios de Brasil, Argentina, Paraguay y Uruguay. Es una especie de gran interés socio-cultural y comercial porque con sus hojas se elabora la yerba, principal ingrediente de la bebida del “Mate” o “Tereré”. En Uruguay las poblaciones naturales de *I. paraguariensis* representan el límite sur de la distribución de la especie, localizándose en áreas de refugio o “Hot Spots” ubicadas en el norte y este del país. Se tiene escasa información sobre las poblaciones uruguayas, pero se cree que pueden aportar variantes de interés para el mejoramiento y conservación de la especie. Este trabajo se dispone probar que se detecta estructuración geográfica de la variabilidad haplotípica de *I. paraguariensis* en el territorio uruguayo y que la diversidad entre dichas poblaciones es mayor que la encontrada en el resto de su distribución. Para probar esta hipótesis se obtuvo el ADN de 273 individuos georreferenciados, distribuidos a lo largo de 17 sitios de colecta en bosques relictuales y se analizó la información conjunta obtenida de la amplificación del ADN con 30 marcadores microsatélites cloroplásticos. Las poblaciones uruguayas aparecen altamente estructuradas y diferenciadas de las muestras de Paraguay, Argentina y Brasil. Se observa una diferenciación genética clara y ausencia de flujo de semillas entre poblaciones, con importantes implicancias para la conservación y exploración del germoplasma.

Estimating realized gene flow patterns in the Kenyan population of *Acacia senegal* (syn. *Senegalia senegal*): an empirical comparison of SNP and microsatellite variations

Stephen F. Omondi¹, Damase Khasa²

¹Kenya Forestry Research Institute, Nairobi, Kenya; ²Laval University, Quebec, Canada (stephen.f.omondi@gmail.com; damase.khasa@ibis.ulaval.ca)

Despite the importance of seed and pollen dispersal for survival of tree species across landscapes, data on gene dispersal on important tropical dryland species that are undergoing various population dynamics remain scarce. Understanding the patterns of gene dispersal in these ecosystems is important for conservation and tree improvement purposes. We investigated pollen and seed mediated gene flow in disturbed and undisturbed populations of *S. senegal* based on microsatellite and genotyping-by-sequencing (GBS) multilocus genotypes of seedlings and adult trees. We performed parentage assignments using likelihood and seedling neighborhood approaches. We also undertook spatial genetic structure (SGS) analyses for the two growth stages. The SNPs showed higher resolution power and assignment rates than microsatellites, however, a combination of the two marker types provided a robust parentage assignments. We found occurrence of high frequency of long-distance pollination events in disturbed than undisturbed population, however, localized seed dispersal were evident in both populations. Parentage analysis showed high amounts of pollen (40 %) and seed (20 %) immigration in both populations. Significant positive spatial genetic structure was found for the adult cohorts in undisturbed population for distance classes 25 and 50 m, indicating short distance of historical seed dispersal. Our results suggest long distance gene flow within the species and recommend conservation of remnant and isolated populations and/or individual