Agrociencia Uruguay 2026 | Volume 30 | Number NE1 | Article e1673
DOI: 10.31285/AGRO.30.1673
ISSN 2730-5066

Investigaciones en pecán en Sudamérica

Diversidad y estructura genética en germoplasma asilvestrado de pecán: Un caso de estudio en Argentina

Soldati, M. C. [1]; Oroño, N. [1]; Pomponio, M. F. [1]; Frusso, E. A. [1]

[1] *Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, Buenos Aires, Argentina*

Editor
Georgina García Inza
Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Canelones, Uruguay

Received *11 Feb 2025*
Accepted *11 Apr 2025*
Published *13 Feb 2026*

Correspondence
María Cristina Soldati
soldati.maria@inta.gob.ar

Resumen

Desde hace 20 años, Argentina se postula como un mercado emergente de gran potencial en la producción de pecán, con una producción anual estimada de alrededor de 3000 t. En Argentina, el material de esta especie puede clasificarse en dos grandes grupos: material mejorado y material asilvestrado. Este último puede presentar variantes alélicas de interés que permitan ampliar la base genética de la especie, para facilitar el establecimiento de nuevos cultivares de alta calidad. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la diversidad y estructura genética de 73 individuos asilvestrados de pecán, distribuidos en las provincias de Jujuy, Entre Ríos, Corrientes, Mendoza, Buenos Aires y Río Negro, en Argentina. Se utilizaron para esto ocho marcadores microsatélites desarrollados para la especie, los cuales fueron amplificados mediante PCR y resueltos en geles de poliacrilamida teñidos con nitrato de plata. La diversidad genética (*UHe*) promedio para la totalidad de los individuos analizados fue moderada (0,406; *ds* = 0,031), con claras variaciones entre los orígenes analizados, con un máximo de *UHe* = 0,587 para el material de Entre Ríos y un valor mínimo de *UHe* = 0,261 para los individuos de Corrientes. Se encontraron diez alelos exclusivos (*Ae*) en siete individuos de tres orígenes diferentes. La estructura genética observada evidenció la presencia de dos grupos genéticos (*K*), distribuidos de forma heterogénea entre los orígenes analizados y guardando relación con los resultados de *UHe* y *Ae*. No se observaron agrupamientos por origen ni localización geográfica. Estos resultados, si bien son preliminares, podrán orientar la selección de nuevos materiales para el programa de mejoramiento de la especie llevado a cabo en el INTA (Argentina).

Palabras clave: diversidad genética, estructura genética, microsatélites, pecán, asilvestrado

CC BY

Soldati, M. C., Oroño, N., Pomponio, M. F., & Frusso, E. A. (2026). Diversidad y estructura genética en germoplasma asilvestrado de pecán: Un caso de estudio en Argentina. *Agrociencia Uruguay, 30*(NE1), Article e1673. https://doi.org/10.31285/AGRO.30.1673

Genetic Diversity and Genetic Structure in Wild Pecan Germplasm: A Case Study in Argentina

Abstract

For the last 20 years, Argentina has been proposed as an emerging market with great potential for pecan production, with an estimated annual production of around 3000 tons. In Argentina, this species can be classified into two large groups: improved material and wild material. The latter may present interesting allelic variants that may allow to expand the genetic base of the species, facilitating the establishment of new high-quality cultivars. The objective of this work was to characterize the genetic diversity and genetic structure of 73 wild pecan individuals, distributed in the provinces of Jujuy, Entre Ríos, Corrientes, Mendoza, Buenos Aires and Río Negro, in Argentina. Eight microsatellite markers developed for the species were amplified by PCR and resolved in polyacrylamide gels stained with silver nitrate. The average genetic diversity (*UHe*) for all the individuals analyzed was moderate (0.406; *ds* = 0.031), with clear variations between the origins analyzed, showing a maximum of *UHe* = 0.587 for the material from Entre Ríos and a minimum value of *UHe* = 0.261 for the individuals from Corrientes. Ten exclusive alleles (*Ae*) were found in seven individuals from three different origins. The genetic structure observed showed the presence of two genetic groups (*K*), distributed heterogeneously among the analyzed origins and related to the *UHe* and *Ae* values. No grouping by origin nor geographical location were observed. These results, although preliminary, may guide the selection of new materials for the breeding program of the species carried out at INTA (Argentina).

Keywords: genetic diversity, genetic structure, microsatellites, pecan, wild

Diversidade e estrutura genética em germoplasma de noz-pecã selvagem: Um estudo de caso na Argentina

Resumo

Há 20 anos que a Argentina se tem afirmado como um mercado emergente com grande potencial na produção de pecan, com uma produção anual estimada em cerca de 3000 toneladas. Na Argentina, o material desta espécie pode ser classificado em dois grandes grupos: material melhorado e material selvagem. Estes últimos podem apresentar variantes alélicas de interesse que permitem ampliar a base genética da espécie, facilitando o estabelecimento de novas cultivares de alta qualidade. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade e a estrutura genética de 73 indivíduos de pecan selvagem, distribuídos nas províncias de Jujuy, Entre Ríos, Corrientes, Mendoza, Buenos Aires e Río Negro, na Argentina. Para isso, foram utilizados oito marcadores microssatélites desenvolvidos para a espécie, que foram amplificados por PCR e resolvidos em géis de poliacrilamida corados com nitrato de prata. A diversidade genética média (*UHe*) para todos os indivíduos analisados foi moderada (0,406; *ds* = 0,031), com claras variações entre as origens analisadas, com um máximo de *UHe* = 0,587 para o material de Entre Ríos e um valor mínimo de *UHe* = 0,261 para os indivíduos de Corrientes. Dez alelos exclusivos (*Ae*) foram encontrados em sete indivíduos de três origens diferentes. A estrutura genética observada evidenciou a presença de dois grupos genéticos (*K*), distribuídos de forma heterogênea entre as origens analisadas e relacionados ao *UHe* e ao *Ae*. Não foram observados agrupamentos por origem ou localização geográfica. Estes resultados, embora preliminares, podem orientar a seleção de novos materiais para o programa de melhoramento das espécies realizado na INTA (Argentina).

Palavras-chave: diversidade genética, estrutura genética, microssatélites, pecãs, selvagem

1. Introducción

Carya illinoinensis, conocida comúnmente como pecán, es originaria de la región sureste de Estados Unidos y el norte de México. Su centro de origen se ubica en áreas cercanas al río Mississippi, en distintos estados de EE. UU., como Illinois, Texas, Oklahoma y Arkansas, así como en el norte de México, especialmente en los

estados de Chihuahua, Coahuila y Tamaulipas (Ojeda Barrios, 2002). Los antecedentes del cultivo del pecán (*Carya illinoinensis*) en la Argentina datan del siglo XIX; Domingo Faustino Sarmiento fue quien trajo las primeras semillas al país (Grassi, 2017; *Plan de mejora competitiva,* 2015). Actualmente, la superficie de pecán implantada en este país alcanza unas 7000 hectáreas, con mayor presencia en las provincias de Buenos Aires, Entre Ríos y Santa Fe. Si bien la producción argentina representa menos del 1 % mundial, existe un claro interés por este cultivo (Bischoff, 2020). Al ser el pecán un cultivo muy versátil, con variedades adaptadas a distintas condiciones edafoclimáticas, se está extendiendo su cultivo a nuevas zonas productivas, abarcando provincias muy disímiles como Corrientes, Jujuy y Río Negro, solo por mencionar algunas. Sin embargo, el establecimiento de nuevos materiales de alta calidad para el mercado permitiría extender aún más las áreas de cultivo de la especie, así como también obtener frutos con características superiores.

El rendimiento máximo de un cultivo está determinado, entre otras cosas, por su pool génico. Por lo tanto, el mejoramiento genético determinará en gran medida la calidad y el potencial productivo de los nuevos materiales (Oliveira et al., 2023). Otro factor que puede favorecer el éxito de estos nuevos materiales es la resistencia genética a distintas enfermedades, rasgo altamente deseable para esta especie ya que se suele ver afectada por la sarna del pecán (*Venturia effusa*), moho polvoriento (*Microsphaera penicillata*) y mancha marrón (*Fungus Cercospora fusca*), entre otros (Dabul, 2007). Para que las especies puedan responder a los cambios en su entorno natural, necesitan que exista variación genética en su genoma (Jump et al., 2009). También es sabido que, en las plantas, la variación intraespecífica está distribuida de manera no aleatoria dentro y entre las poblaciones de plantas (Caicedo & Schaal, 2004; Soltis et al., 2006), y que esta distribución es resultado de procesos evolutivos históricos y antrópicos (Sloan et al., 2008). Una mayor variabilidad genética puede favorecer la adaptabilidad y supervivencia de las especies (Caujapé Castells, 2006). Esto es particularmente importante en el material asilvestrado de especies domesticadas, ya que constituye una fuente de variantes genéticas de interés muy importantes para el cultivo. En este sentido, el material de *Carya illinoinensis* disponible en Argentina puede clasificarse en dos grandes grupos: material mejorado y material asilvestrado. Este último puede presentar variantes alélicas de interés y una mayor diversidad genética respecto del material mejorado, lo que permite ampliar la base genética de la especie y facilitar el establecimiento de nuevos cultivares de alta calidad (Grauke et al., 2011).

Conocer la magnitud de la variabilidad genética asilvestrado disponible en un país es un paso importante para asegurar el desarrollo del cultivo de la nuez pecán a futuro (de Souza et al., 2023). La diversidad genética y su distribución intra- e interpoblacional pueden ser estimadas utilizando marcadores moleculares. Estos son altamente reconocidos en la actualidad ya que permiten una identificación genética muy precisa de los individuos que se estudian y también permiten la estimación de parámetros poblacionales necesarios para establecer el nivel de distribución de la diversidad genética (Caixeta et al., 2006; Soldati et al., 2013). Un modelo de marcador molecular muy utilizado en este tipo de estudios son los marcadores microsatélites o *simple sequence repeat* (SSRs) (García et al., 2019; Hodel et al., 2016; Marques Junior et al., 2023; Morillo et al., 2025). Son regiones genómicas hipervariables, compuestas por arreglos o motivos de 1 a 4 nucleótidos repetidos en tándem, y se encuentran flanqueados por secuencias de copia única. Estos marcadores se encuentran distribuidos de manera abundante a lo largo de todo el genoma de las especies eucariotas (Li et al., 2002; Selkoe & Toonen, 2006). El origen del polimorfismo detectado se basa en la variación del número de motivos repetitivos (Devey et al., 2002).

El objetivo de este trabajo fue caracterizar mediante marcadores microsatélites árboles asilvestrados de pecán pertenecientes a seis orígenes geográficos diferentes, a fin de conocer la diversidad, la estructura y las relaciones genéticas de este material presente en Argentina.

2. Materiales y métodos

Se evaluaron un total de 73 individuos asilvestrados, provenientes de seis provincias argentinas (Tabla 1). Estas plantas son provenientes de semilla, de origen o procedencia desconocidos, probablemente resultantes de selección fenotípica realizada por antiguos productores. En promedio tienen unos 40-50 años. Los árboles analizados fueron seleccionados por su aptitud agronómica y/o por características fenotípicas de interés, tales como buena sanidad, vigor y adaptación al medio.

Tabla 1. Ubicación geográfica de los individuos asilvestrados de *C. illinoinensis* analizados

Origen	Latitud (promedio)	Longitud (promedio)	Departamentos
Jujuy (N = 10)	24°07'14"	65°23'17"	El Carmen, Ledesma, Manuel Belgrano
Corrientes (N = 35)	28°30'15"	59°02'43"	Goya, General Paz, Concepción, Bella Vista, Saladas, Empedrado, Esquina
Entre Ríos (N = 3)	31°22'52"	58°02'52"	Concordia
Mendoza (N = 12)	33°06'50"	68°29'11	Junín
Buenos Aires (N = 5)	34°36'32"	58°40'20"	Hurlingham
Río Negro (N = 8)	39°13'48"	66°00'04"	Adolfo Alsina, General Roca, Avellaneda

Nota. N: número de individuos.

El material vegetal, folíolos jóvenes en buen estado sanitario, fue colectado por distintos equipos de INTA durante 6 campañas realizadas en 2021 y 2022. Se tomó como referencia una distancia mínima de 200 m entre árboles, para evitar el muestreo de individuos emparentados (Rüter et al., 1999). La georreferenciación de los puntos muestreados se realizó mediante el empleo de GPS (*global positioning system*). El material colectado fue desecado en sílica gel y conservado a −20 °C en bolsas de red individuales hasta su procesamiento. El ADN genómico total fue extraído a partir de 100 mg de material vegetal desecado, siguiendo el protocolo de CTAB (*cetyl trimethyl ammonium bromide*) estándar descripto en Hoisington et al. (1994) con modificaciones menores, de acuerdo con Soldati et al. (2013). La cuantificación de las muestras se llevó a cabo mediante un espectrofotómetro Nanodrop 2000c (Thermo Scientific), lo que permitió estimar la concentración y la calidad del ADN extraído, basándose en la relación A260/280 nm. Todas las muestras analizadas presentaron una relación A260/280 de entre 1,8 y 2,1.

Las muestras fueron analizadas utilizando 8 marcadores SSR (PM-CIN20, PM-GA39, PM-CIN22, PM-CA10, PM-CIN23, PM-CIN4, PM-GA38 y PM-CIN13) desarrollados para la especie (Grauke et al., 2002). Dichos marcadores fueron amplificados mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) siguiendo los protocolos establecidos por los autores, con algunas modificaciones establecidas por el grupo de Genómica Aplicada al Mejoramiento de Especies Forestales y Frutales de INTA (Rivas et al., n.d.), a fin de obtener patrones de información claros y polimórficos. Los productos de amplificación fueron resueltos en geles desnaturalizantes de poliacrilamida al 6 % (p/v), teñidos con nitrato de plata y revelados con hidróxido de sodio (Benbouza et al., 2006). Para los análisis bioinformáticos, los alelos fueron codificados con base en su peso molecular expresado en pares de bases, según un estándar de referencia (Marcador de ADN 25 pb – K0176, Inbio Highway). La ocurrencia de una banda en uno de los locus analizados fue identificada como el estado homocigota para el individuo, mientras que la ocurrencia de dos bandas en dicho locus fue identificada como el estado heterocigota.

Para cada locus fueron estimados el **número de alelos** (*Na*, que refiere al número de alelos existentes para un locus determinado), la **heterocigosidad observada** (*Ho*), la **heterocigosidad esperada o diversidad genética de Nei** (*He*) y la **heterocigosidad esperada insesgada** (*UHe*). Al mismo tiempo, la *Ho*, la *He*, la *UHe* y el número de **alelos exclusivos** (*Ae*, que son aquellos que solo fueron detectados en un origen o individuo) fueron calculados para estimar la diversidad genética presente en los distintos orígenes naturales de *C. illinoinensis* analizados.

Todos estos parámetros fueron estimados utilizando el software GenAlEx 6.2 (Peakall & Smouse, 2006). La diferenciación genética entre los orígenes analizados fue estimada mediante el estadístico *Fst* utilizando el software

GDA-NT 2021 (Degen, 2022) y mediante los estadísticos *PhiPT*, *PhiRT* y *PhiPR* a través de un Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA). Al mismo tiempo, fue implementado un análisis bayesiano usando el software Structure 2.3.4 (Hubisz et al., 2009; Pritchard et al., 2000), para estimar el número de grupos genéticos (*K*) y la asignación de cada individuo a estos grupos. Este análisis bayesiano asume que existe un número de *K* que puede ser distinto al número de orígenes establecidos en función de la ubicación geográfica. Se asumieron frecuencias génicas similares entre posibles «poblaciones» (*correlated model*) y que cada individuo provenía puramente de una u otra población (*no admixture model*). Se modelaron 10 repeticiones por *K*, con un *burn-in* de 50.000 y 500.000 iteraciones. El número de grupos genéticos se determinó a partir del valor de *K*, que maximizó tanto la probabilidad de los datos como del valor modal de ΔK calculado posteriormente como parámetro de segundo orden para definir el verdadero valor del número de clústeres (K) (Evanno et al., 2005; Li & Liu, 2018). El flujo génico histórico (*Nm*) fue calculado de forma indirecta a partir del estadístico Fst de acuerdo con el modelo $Nm = (1 - Fst)/(4.\alpha.Fst)$, donde *Nm* es el número estimado de migrantes por generación y α es un factor de corrección que depende del número de poblaciones muestreadas (Crow & Aoki, 1984). Finalmente, para determinar las relaciones genéticas existentes entre los individuos analizados y poder determinar si estos presentaban un patrón de agrupamiento, se evaluaron los índices de similitud genética (*Is*) obtenidos entre pares de individuos (Jaccard, 1908), agrupándolos según el método UPGMA (*unweighted pair group method by arithmetic average*). Se calculó el coeficiente de correlación cofenética (*r*) aplicando un Test de Mantel con 1000 permutaciones al azar, utilizando el software NTSYS pc. 2.0 (Rohlf, 2008). Por último, para estimar las relaciones genéticas entre las provincias, se estimó la Distancia Genética de Nei entre los pares de orígenes utilizando el software GenAlEx 6.2 (Soldati et al., 2013) con posterior obtención del dendrograma con su ajuste correspondiente (r), comparando la matriz de distancia y su respectiva matriz cofenética, mediante el software NTSYS pc. 2.0 (Rohlf, 2008).

3. Resultados

3.1 Diversidad genética

Los ocho marcadores SSR elegidos para este estudio presentaron patrones de amplificación claros y polimórficos. Para los 73 individuos analizados fueron identificados un total de 35 alelos (PM-CIN20: 3 alelos, PM-GA39: 6 alelos, PM-CIN22: 5 alelos, PM-CA10: 3 alelos, PM-CIN23: 7 alelos, PM-CIN4: 3 alelos, PM-GA38: 5 alelos y PM-CIN13: 3 alelos) (Figura 1), con un Na promedio de 4,375. (*de* = 1,012). Como se puede observar en la Tabla 2, la *Ho* a través de los 6 orígenes analizados varió en un rango de 0,364 a 0,800 (*Ho promedio* = 0,519; *de* = 0,170), para Corrientes y Entre Ríos, respectivamente. En cuanto a la diversidad genética de Nei, el valor promedio de He fue de 0,371 (de = 0,095), en un rango de entre 0,259 y 0,489, nuevamente para Corrientes y Entre Ríos, respectivamente. También se estimó la Heterocigosidad esperada insesgada, para corregir los valores en función del tamaño muestral. Los valores obtenidos fueron similares, tal como se observa en la Tabla 2, evidenciando otra vez las diferencias entre los orígenes de Corrientes y Entre Ríos. Por último, se encontró un total de 10 alelos exclusivos, distribuidos de forma heterogénea entre los orígenes (Tabla 2).

A fin de evaluar las diferencias en los valores de diversidad genética observados y teniendo en cuenta que el tamaño muestral fue dispar dentro de los orígenes, se realizó un segundo análisis de los parámetros genéticos más representativos, considerando los distintos puntos de muestreo dentro de cada origen (Tabla 3). No se evidenciaron variaciones respecto del primer análisis: se mantuvieron los orígenes de Corrientes y Entre Ríos como los extremos con menores y mayores niveles de diversidad. Particularmente para la provincia de Corrientes, no se observaron grandes diferencias entre los puntos de muestreo de esta provincia que pudieran afectar los valores globales de diversidad para el origen (Tabla 3), con excepción de los materiales provenientes de los departamentos de Esquina y Bella Vista, que manifestaron niveles muy bajos de diversidad (Tabla 3).

Tabla 2. Parámetros descriptivos de la diversidad genética para los seis orígenes analizados

Origen		Ne	Ho	He	UHe	Ae
Jujuy	Promedio	1,619	0,387	0,301	0,317	0
	de	0,299	0,185	0,113	0,119	-
Corrientes	Promedio	1,526	0,364	0,259	0,261	2
	de	0,276	0,197	0,120	0,122	-
Entre Ríos	Promedio	2,065	0,800	0,489	0,587	5
	de	0,229	0,133	0,062	0,074	-
Mendoza	Promedio	1,787	0,433	0,375	0,392	0
	de	0,284	0,189	0,105	0,109	-
Buenos Aires	Promedio	1,796	0,570	0,398	0,445	0
	de	0,205	0,189	0,100	0,112	-
Río Negro	Promedio	1,771	0,561	0,406	0,436	3
	de	0,181	0,165	0,073	0,078	-
Total	Promedio	1,760	0,519	0,371	0,406	1,666
	de	0,041	0,170	0,095	0,031	-

Nota. Ne: Número efectivo de alelos, Ho: Heterocigosidad observada, He: Heterocigosidad esperada, UHe: Heterocigosidad esperada insesgada, Ae: Número de alelos exclusivos, *de*: desvío estándar.

Tabla 3. Parámetros descriptivos de la diversidad genética para los 16 puntos de muestreo analizados, dentro de los seis orígenes

Origen			Ho	He	UHe	Ae
Jujuy	Ledesma (n = 2)	Promedio	0,403	0,200	0,267	0
		de	0,245	0,122	0,163	-
	Manuel Belgrano (n = 1)	Promedio	0,402	0,210	0,340	0
		de	0,245	0,122	0,245	-
	El Carmen (n = 7)	Promedio	0,352	0,320	0,347	0
		de	0,166	0,107	0,115	-
Corrientes	Goya (n = 3)	Promedio	0,300	0,275	0,284	2
		de	0,224	0,115	0,153	-
	Esquina (n = 8)	Promedio	0,254	0,241	0,160	0
		de	0,189	0,092	0,098	-
	General Paz (n = 5)	Promedio	0,400	0,279	0,295	0
		de	0,204	0,119	0,133	-
	Concepción (n = 5)	Promedio	0,450	0,263	0,285	0
		de	0,229	0,124	0,140	-
	Bella Vista (n = 3)	Promedio	0,333	0,241	0,253	0
		de	0,211	0,132	0,158	-
	Saladas (n = 6)	Promedio	0,410	0,268	0,287	0
		de	0,229	0,127	0,140	-
	Empedrado (n = 6)	Promedio	0,400	0,242	0,252	0
		de	0,210	0,110	0,123	-
Entre Ríos	Concordia (n = 3)	Promedio	0,800	0,489	0,587	5
		de	0,133	0,062	0,074	-
Mendoza	Mendoza (n = 12)	Promedio	0,433	0,375	0,392	0
		de	0,189	0,105	0,109	-
Buenos Aires	Hurlingham (n = 5)	Promedio	0,570	0,398	0,445	0
		de	0,189	0,100	0,112	-
Río Negro	Adolfo Alsina (n = 2)	Promedio	0,660	0,455	0,502	3
		de	0,122	0,047	0,062	-
	General Roca (n = 5)	Promedio	0,511	0,388	0,435	0
		de	0,172	0,103	0,120	-
	Avellaneda (n = 2)	Promedio	0,512	0,375	0,367	0
		de	0,224	0,115	0,153	-

Nota. Ho: Heterocigosidad observada, He: Heterocigosidad esperada, UHe: Heterocigosidad esperada insesgada, Ae: Número de alelos exclusivos, *de*: desvío estándar.

3.2 Estructura genética

En cuanto a la estructura genética, el análisis del material a partir de métodos bayesianos nos permitió identificar dos grupos genéticos (K = 2), distribuidos de forma heterogénea entre los orígenes analizados y guardando relación con los resultados de UHe y Ae. El valor modal del ΔK también fue observado en K = 2 (Figura 2). No se observaron orígenes asignados de forma exclusiva a uno u otro grupo genético (Figura 3). Sin embargo, para los individuos de la provincia de Corrientes, se puede observar una mayor homogeneidad entre estos respecto de su composición genética (Figura 2), lo que muestra claramente una menor variación genética.

El AMOVA entre orígenes evidenció una diferenciación genética alta y significativa (*PhiPT* = 0,198; *p* = 0,001), lo que fue consistente con el estadístico *Fst* (*Fst* = 0,201), mientras que el flujo génico histórico fue bajo (Nm = 0,690). Debido a estos resultados, se decidió realizar un AMOVA jerárquico para cuantificar los niveles de diferenciación del origen Corrientes respecto del resto de los orígenes analizados. Se contrastaron los individuos en dos grupos: el grupo A, compuesto por la totalidad de los individuos de Corrientes, versus el grupo B, compuesto por los individuos de los orígenes Jujuy, Entre Ríos, Mendoza, Buenos Aires y Río Negro considerados de forma conjunta. El *PhiRT* fue de 0,159 ($p<0,001$), lo que indica una alta diferenciación entre los grupos considerados. El *PhiPR* fue de 0,042 ($p<0,001$), mientras que la mayor parte de la variación (80%) estuvo explicada dentro de los orígenes.

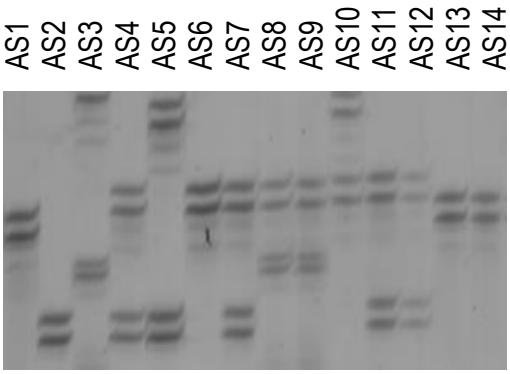


Figura 1. Patrón polimórfico de alelos para el marcador PM-CIN23, utilizando electroforesis en geles de poliacrilamida

En la parte superior de la imagen se indica el individuo amplificado.

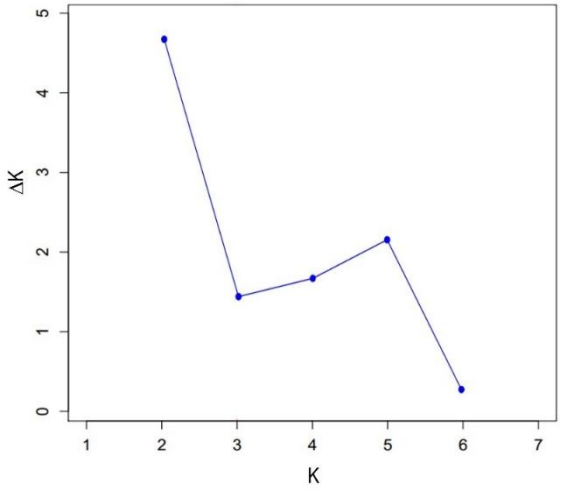


Figura 2. Valor modal de ΔK para K = 2

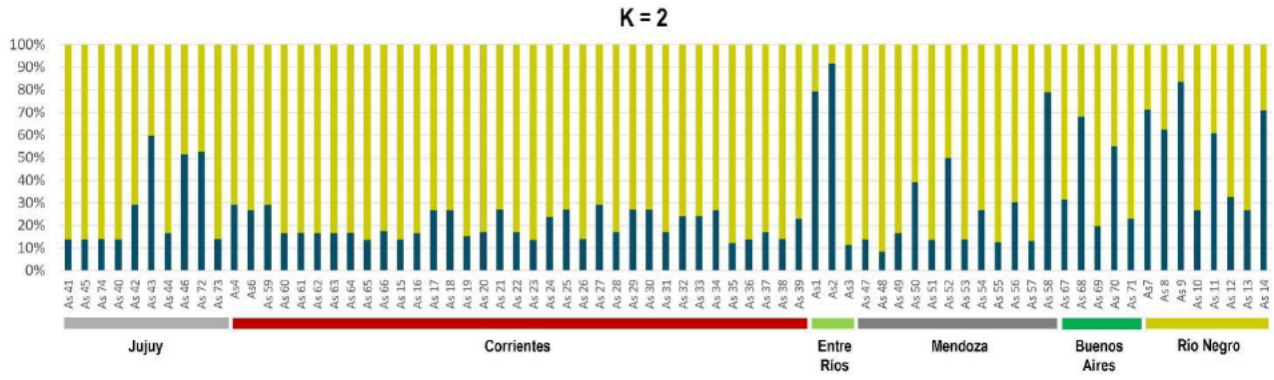


Figura 3. Distribución de los dos grupos genéticos para los seis orígenes de *C. illinoinensis* analizados

Cada individuo está representado por una barra vertical.

3.3 Relaciones genéticas

Se estimaron las relaciones genéticas entre la totalidad de individuos analizados mediante el Coeficiente de Similitud de Jaccard (J), obteniéndose el dendrograma (UPGMA) correspondiente. Este presentó un alto nivel de ajuste respecto de la matriz de similitud (r = 0,879). El set de marcadores utilizados permitió la identificación inequívoca de 67 individuos de los 73 analizados. Tres pares de individuos (As06-As21, As25-As29 y As63-As64, todos pertenecientes a la provincia de Corrientes) no pudieron ser discriminados, presentando un *Is* = 1. No se observaron agrupamientos por origen o localización geográfica, con excepción del 50 % de los individuos de la provincia de Corrientes, que fueron agrupados de manera conjunta (datos nos presentados). El Índice de Similitud promedio (*ISm*) para la totalidad de individuos analizados presentó un valor de 0,502 (*de* = 0,19). También fue estimada la distancia genética de Nei entre los seis orígenes analizados, obteniéndose el dendrograma correspondiente (Figura 4) con un alto grado de ajuste (r = 0,910). La mayor distancia genética (0,673) fue observada para la provincia de Corrientes.

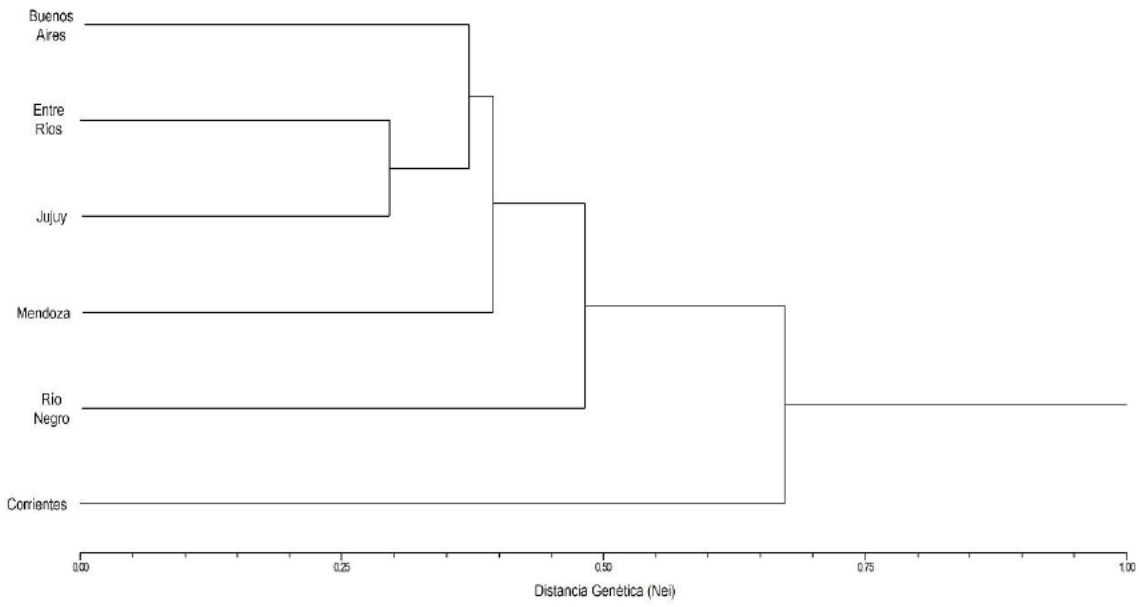


Figura 4. Dendrograma obtenido a partir de la Distancia Genética de Nei, para los seis orígenes de *C. illinoinensis* analizados

4. Discusión

Actualmente, no existen trabajos científicos que hayan caracterizado genéticamente el material asilvestrado de *C. illinoinensis* presente en Argentina. Los datos presentados en este trabajo proporcionan información muy valiosa con respecto a la diversidad, la estructura y las relaciones genéticas del material asilvestrado de pecán presente en este país.

Numerosos tipos de marcadores moleculares, tales como los iSSR, RAPDs y AFLPs, han sido utilizados para caracterizar germoplasma asilvestrado de pecán (Elarabi & Elsoda, 2017; Oliveira et al., 2023; Poletto et al., 2020). Actualmente, el uso de tecnologías de nueva generación (NGSXXXXX), principalmente en países desarrollados, ha permitido mejorar los estudios en la especie. Métodos como RAD-seq (*restriction site associated DNA sequencing*) o GBS (*genotyping by sequencing*) han permitido identificar numerosos marcadores a lo largo del genoma de la especie, de forma rápida, eficiente y relativamente económica (Ishimori et al., 2021; Wang et al., 2024). Además, el alto poder de resolución de estas técnicas permite acelerar los programas de mejoramiento genético, lo que contribuye al desarrollo de cultivares con mejores características fenotípicas (Mangal et al., 2024; Rossi et al., 2022).

Sin embargo, como se mencionó, un tipo de marcador molecular muy utilizado en el desarrollo de programas de mejoramiento para especies frutales son los marcadores microsatélites (Soldati et al., 2013). Estos marcadores, que son altamente polimórficos y en su mayoría no están ligados, han sido utilizados con mucho éxito en estudios de la especie en Estados Unidos, China y Brasil (Caujapé Castells, 2006; Poletto et al., 2024; Wang et al., 2022). Los resultados obtenidos en este trabajo destacan la importancia del uso de marcadores microsatélites en la estimación de variabilidad genética de material asilvestrado de *C. illinoinensis*, con el fin de apoyar los inicios de programas de conservación y mejoramiento.

4.1 Diversidad genética en material asilvestrado de *C. illinoinensis*

La variabilidad genética es de vital importancia en los programas de mejoramiento genético del pecán (de Oliveira et al., 2021; Jia et al., 2011), especialmente cuando se tienen en cuenta las presiones a las que se ve expuesta la especie respecto del estado sanitario y en un contexto incierto de cambio climático (Jaccard, 1908). A nivel general, en comparación con resultados para especies vegetales y/o especies leñosas, el material analizado de *C. illinoinensis* presenta mayores niveles de diversidad genética (Na, He, UHe, Ho) (García et al., 2019). Ocho marcadores microsatélites permitieron identificar un total de 35 alelos, con un Na promedio de 4,375. Estos resultados son comparables con los obtenidos por Caujapé Castells (2006) para material asilvestrado de Estados Unidos y México (Na = 3,230).

Por otro lado, el trabajo aquí presentado reveló que los niveles de diversidad genética observados en los materiales asilvestrados de pecán distribuidos en Argentina son moderados (Ho = 0,519 y UHe = 0,406), particularmente si se los compara con otros estudios realizados sobre material asilvestrado en Brasil y material nativo en Estados Unidos (Crow & Aoki, 1984; Jia et al., 2011). Estos resultados están de acuerdo con el sistema de apareamiento del pecán, que presenta baja probabilidad de autopolinización (García et al., 2019). Resultados similares fueron encontrados al analizar material asilvestrado de otra especie frutal en México (*Persea americana* Mill. spp. *Drymifolia*) (de Oliveira et al., 2021), en donde es posible encontrar plantas que crecen en hábitats asilvestrados y con características contrastantes a las de las variedades mejoradas. Los autores plantean que esa diversidad genética representa una fuente valiosa de variabilidad para ser utilizada en programas de mejoramiento. Esto está de acuerdo con lo planteado por Gutiérrez-Díez et al. (2009) y nos permite afirmar que los niveles de diversidad genética observados en el material asilvestrado de *C. illinoinensis* en Argentina resultan de especial interés para la mejora genética de la especie en el país.

Adicionalmente, la presencia de alelos exclusivos en los árboles analizados (10 *Ae* en siete individuos pertenecientes a tres orígenes diferentes) corrobora la importancia de este material y resalta la importancia de incorporar estos árboles en el programa de mejora de la especie, a fin de incrementar los niveles de diversidad genética del mismo para asegurar la adaptación y supervivencia del material en el largo plazo (Ertekin, 2012; Kyratzis et al., 2019). Esta recomendación también es especialmente válida para el material proveniente de la provincia de Entre Ríos, dado que presentó los mayores niveles de diversidad genética entre todos los orígenes analizados, a pesar de solo aportar tres individuos al material estudiado, lo que constituye otra fuente importante de variabilidad. Los resultados obtenidos para los individuos muestreados en esta provincia podrían haber sido causados por un origen diferencial del material, ya sea por su historia de uso, flujo génico o dispersión antrópica.

4.2 Estructura genética en material asilvestrado de *C. illinoinensis*

El patrón de distribución de la diversidad obtenido para el material analizado de *C. illinoinensis* se encontró dentro de los parámetros esperados para especies longevas, preponderantemente alógamas, perennes y leñosas (Acheré et al., 2005; Nybom, 2004; Tang et al., 2008), con la mayor parte de su variación genética total distribuida dentro de los orígenes (80 %). Al considerar dos componentes de la varianza (entre orígenes y dentro de los orígenes) la diferenciación observada entre los orígenes estudiados indicó un alto nivel de diferenciación (20 %), siendo el *PhiPT* de 0,198 (Soldati et al., 2013). Se encontraron resultados similares para 80 individuos de pecán nativos distribuidos en Estados Unidos y México (Grauke et al., 2011) con un *PhiPT* = 0,120. Por otra parte, al considerar un tercer componente de variación (entre grupos), se observó una clara diferenciación al contrastar los árboles provenientes de la provincia de Corrientes frente al resto de los individuos analizados (*PhiRT* = 0,159), lo que disminuye la diferenciación entre los seis orígenes (*PhiPR* = 0,042) y explica la alta diferenciación observada al contrastar los seis orígenes como un todo.

En cuanto a los análisis de grupos genéticos, la distribución heterogénea observada en los materiales se corresponde *a priori* con los resultados obtenidos respecto de la diversidad genética. El material de Corrientes evidenció una gran homogeneidad respecto de los dos grupos genéticos presentes. Esto podría estar reflejando una reducción en la diversidad genética reciente debido a alguna limitación sanitaria, por ejemplo. Alternativamente, la rápida expansión en el área de distribución también podría haber colaborado en la reducción de la variabilidad observada (Grauke et al., 2011). Otros estudios (Hartl & Clark, 1997), centrados en progenies producidas por los materiales aquí analizados, podrían orientar nuevos análisis sobre la estructura poblacional real de la especie en el país.

4.3 Relaciones genéticas en material asilvestrado de *C. illinoinensis*

Los marcadores microsatélites son herramientas muy útiles para visualizar relaciones genéticas entre individuos (Babayeva et al., 2009). El dendrograma obtenido mediante UPGMA presentó un alto grado de ajuste (r = 0,879). Diversos autores sostienen que para que la representación gráfica de los datos sea adecuada, el r debe ser mayor a 0,7 (Belletti et al., 2008; Maguire et al., 2002). No se detectaron agrupamientos definidos entre los individuos, ya sea por origen o localización geográfica, con excepción del 50 % de los individuos de la provincia de Corrientes, que fueron agrupados de manera conjunta. Se observaron además tres pares de individuos, pertenecientes a esta provincia, que no pudieron ser discriminados. Esto podría deberse, por un lado, a la homogeneidad presentada por el material de ese origen, y, por otro lado, a que la capacidad discriminatoria de algunos de los marcadores utilizados no fuera elevada (Islam et al., 2024). No obstante, los patrones genéticos de identificación constituyen una herramienta que puede ser empleada para el diseño adecuado de poblaciones de producción de la especie en estudio. En cuanto al *ISm* observado, este presentó un valor moderado (0,502), particularmente si se lo compara con los resultados obtenidos por otros autores para especies leñosas y/o frutales (de Oliveira et al., 2021; Li, 2012; Sumano López, 2022). Por último, cuando fueron comparados los seis orígenes estudiados, mediante la distancia genética de Nei, el grado de ajuste del dendrograma

fue muy alto (r = 0,910). Se observó una clara distancia genética (0,673) en el material de la provincia de Corrientes con respecto a los cinco orígenes restantes. Esta distancia es consistente con los resultados de estructura genética obtenidos para este origen, que presenta mayor homogeneidad y altos niveles de diferenciación.

5. Conclusiones y propuestas a futuro

La diversidad genética promedio para la totalidad de los individuos analizados fue moderada, con claras variaciones según los orígenes analizados. Se encontraron diez alelos exclusivos distribuidos en tres orígenes diferentes: Entre Ríos, Río Negro y Corrientes. Se debe prestar atención a estos materiales a fin de determinar una posible relación de estos alelos exclusivos con los mayores niveles de diversidad genética, que podrían facilitar la identificación de materiales con características fenotípicas de interés.

Los individuos de la provincia de Entre Ríos, a pesar de ser solo tres, presentaron no solo los niveles de diversidad genética más altos, sino también el mayor número de alelos exclusivos. Esta población debe ser una prioridad en cuanto a nuevos esfuerzos de colecta y análisis de material. Por otro lado, los individuos de la provincia de Corrientes, si bien manifestaron una diversidad genética muy baja, resaltan por su estructura genética y por la presencia de alelos exclusivos. Esta población debe ser estudiada a fondo a fin de comprender mejor las causas de la variabilidad genética que presenta.

Los resultados obtenidos en este trabajo apoyan la necesidad de continuar analizando material asilvestrado distribuido en Argentina, sumando individuos y nuevos marcadores, para avanzar aún más en el programa de mejoramiento de la especie, utilizando este germoplasma como fuente de variabilidad. Como propuesta de trabajo a futuro, se incorporará al análisis un total de 75 muestras asilvestradas distribuidas a lo largo de Argentina sumando los orígenes Misiones, Neuquén y Buenos Aires (Balcarce) e incrementando el número de muestras de Entre Ríos, en respuesta a sus características diferenciales. Estas serán analizadas, en principio, con el mismo set de marcadores e incorporadas a los análisis. Posteriormente, se buscará implementar nuevas estrategias moleculares (RAD-seq) a fin de analizar en profundidad las relaciones y la estructura genética de las accesiones asilvestradas de pecán en la Argentina.

Agradecimientos

Agradecemos a los grupos de trabajo de las Estaciones Experimentales de Bella Vista, Concordia, Junín, Yuto del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria por las colectas de material. Este trabajo fue financiado por el proyecto RIST I226 de INTA.

Transparencia de los datos

Datos no disponibles: El set de datos que respalda los resultados de este trabajo no está disponible públicamente. Esta información puede ser solicitada a María Cristina Soldati (*soldati.maria@inta.gob.ar*).

Declaración de contribución de los autores

	MC Soldati	N Oroño	MF Pomponio	EA Frusso
Conceptualization	■			■
Investigation	■	■		
Writing – original draft	■			
Writing – review and editing	■	■	■	■

References

Acheré, V., Favre, J. M., Besnard, G., & Jeandroz, S. (2005). Genomic organization of molecular differentiation in Norway spruce (Picea abies). *Molecular Ecology*, *14*(10), 3191-3201. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02646.x

Babayeva, S., Akparov, Z., Abbasov, M., Mammadov, A., Zaifzadeh, M., & Street, K. (2009). Diversity analysis of Central Asia and Caucasian lentil (*Lens culinaris* Medik.) germplasm using SSR fngerprinting. *Genetic Resources and Crop Evolution*, *56*, 293-298. https://doi.org/10.1007/s10722-009-9414-6

Belletti, P., Monteleone, I., & Ferrazzini, D. (2008). A population genetic study in a scattered forest species, wild service tree [*Sorbus torminalis* (L.) Crantz], using RAPD markers. *European Journal Forest Research*, *127*, 103-114. https://doi.org/10.1007/s10342-007-0187-1

Benbouza, H., Jacquemin, J. M., Baudoin, P.-J., & Mergeai, G. (2006). Optimization of a reliable, fast, cheap and sensitive silver staining method to detect SSR markers in polyacrylamide gels. *Biotechnology, Agronomy, Society and Environment*, *10*(2), 77-81. https://popups.uliege.be/1780-4507/index.php?id = 1128

Bischoff, N. (2020). *Sector pecanero argentino*. MAGP. https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/sector-pecanero-argentino-oct-2020.pdf

Caicedo, A. L., & Schaal, B. A. (2004). Population structure and phylogeography of Solanum pimpinellifolium inferred from a nuclear gene. *Molecular Ecology*, *13*(7), 1871-1882. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02191.x

Caixeta, E. T., Oliveira, A. C. B., Brito, G. G., & Sakyama, N. S. (2006). Tipos de marcadores moleculares. In A. Borém & E. T. Caixeta (Eds.), *Marcadores moleculares* (pp. 9-78). Editora UFV.

Caujapé Castells, J. (2006). *Brújula para botánicos desorientados en la genética de poblaciones*. Exegen Ediciones.

Crow, J. F., & Aoki, K. (1984). Group selection for a polygenic behavioral trait: estimating the degree of population subdivision. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *81*(19), 6073-6077. https://doi.org/10.1073/pnas.81.19.6073

Dabul, M. E. (2007). Enfermedades del nogal pecán presentes en Argentina y su control. In E. A. Frusso & R. S. Lavado (Eds.), *Producción de pecán en Argentina*. Ediciones INTA. https://saaa2a3304f444fe2.jimcontent.com/download/version/1528758169/module/9402961852/name/ENFERMEDADES%20.pdf

Degen, B. (2022). GDA-NT 2021: A computer program for population genetic data analysis and assignment. *Conservation Genetics Resources*, *14*, 347-350. http://doi.org/10.1007/s12686-022-01283-2

de Oliveira, L. O., Beise, D. C., Dos Santos, D. D., Nagel, J. C., Poletto, T., Poletto, I., & Stefenon, V. M. (2021). Molecular markers in *Carya illinoinensis* (*Juglandaceae*): From genetic characterization to molecular breeding. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, *96*(5), 560-569. https://doi.org/10.1080/14620316.2021.1892534

de Souza, R. S., Martins, C. R., Castro, C. M., Lima, N. L. P., & de Mello-Farias, P. C. (2023). Genetic variability in pecan genotypes in Brazil. *Revista Ceres*, *70*(5), Article e70504. https://doi.org/10.1590/0034-737X202370050004

Devey, M. E., Bell, J. C., Uren, T. L., & Moran, G. F. (2002). A set of microsatellite markers for fingerprinting and breeding applications in Pinus radiata. *Genome*, *45*(5), 984-989. https://doi.org/10.1139/g02-064

Elarabi, N. I., & Elsoda, A. S. (2017). Molecular evaluation of genetic diversity among seven genotypes of pecan (*Carya Illinoinensis*). *Journal of Agricultural Chemistry and Biotechnology*, *8*, 27-33. http://doi.org/10.21608/jacb.2017.38425

Ertekin, M. (2012). Genetic diversity of seed orchard crops. In M. Çalışkan (Ed.), *The molecular basis of plant genetic diversity*. InTech. https://doi.org/10.5772/33802

Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology*, *14*(8), 2611-2620. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x

García, M. N., Aguirre, N. C., Villalba, P. V., Rivas, J. G., Frusso, E. A., Acuña, C. V., Martínez, M. C., & Marcucci Poltri, S. N. (2019). Identificación y clasificación de material introducido de Carya illinoinensis utilizando marcadores SSR para su trazabilidad en el sistema productivo argentino. In C. R. Martins (Ed.), *Anais do II Simposio Sul-Americano da noz pecá* (pp. 29-31). EMBRAPA.

Grassi, A. L. (2017). *Nueces pecán: Ideas para la mejora de la calidad del producto en la Argentina* [Master's thesis]. Universidad Nacional de Luján.

Grauke, L., Iqbal, M. J., Reddy, A. S., & Thompson, T. E. (2002). Developing Microsatellite DNA Markers in Pecan. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, *128*(3), 374-380. https://doi.org/10.21273/JASHS.128.3.374

Grauke, L. J., Mendoza-Herrera, M. A., Miller, A. J., & Wood, B. W. (2011). Geographic patterns of genetic variation in native pecans. *Tree Genetics & Genomes*, *7*, 917-932. https://doi.org/10.1007/s11295-011-0384-4

Gutiérrez-Díez, A., Martínez-de la Cerda, J., García-Zambrano, E. A., Iracheta-Donjuan, L., Ocampo-Morales, J. D., & Cerda-Hurtado, I. M. (2009). Estudio de diversidad genética del aguacate nativo en Nuevo León, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, *32*(1), 9-18. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script = sci_arttext&pid = S0187-73802009000100002&lng = es&tlng = es

Hartl, D. L., & Clark, A. G. (1997). *Principles of population genetics* (3rd ed.). Sinauer Associates.

Hodel, R. G., Segovia-Salcedo, M. C., Landis, J. B., Crowl, A. A., Sun, M., Liu, X., Gitzendanner, M. A., Douglas, N. A., Germain-Aubrey, C. C., Chen, S., Soltis, D. E., & Soltis, P. S. (2016). The report of my death was an exaggeration: A review for researchers using microsatellites in the 21st century. *Applications in Plant Sciences*, *4*(6), Article apps.1600025. https://doi.org/10.3732/apps.1600025

Hoisington, D. A., Khairallah, M. M., & Gonzales de Leon, D. (1994). *Laboratory protocols: CIMMYT Applied Molecular Genetics Laboratory.* CIMMYT.

Hubisz, M. J., Falush, D., Stephens, M., & Pritchard, J. K. (2009). Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources*, *9*(5), 1322-1332. https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x

Ishimori, M., Takanashi, H., Fukami, K., Cervantes, K., Nagano, A. J., Kajiya-Kanegae, H., Grauke, L. J., Tsutsumi, N., Randall, J. & Iwata, H. (2021). Genome-wide RAD-Seq analysis revealed subpopulation structures of the pecan (*Carya illinoinensis*) germplasm collection and their relationship to geographical distribution patterns. *Acta Horticulturae*, (1318), 177-184. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2021.1318.26

Islam, M. A., Hasan, M. M., Hossain, M. A., Haque M. A., Siddique, M. N. A., Shamsuddoha, M., Habib, M. A., & Risha, S. S. (2024). Identification and evaluation of high-performing advanced germplasm of rice through morphological and breeding value analysis. *Discover Agriculture*, *2*, Article 126. https://doi.org/10.1007/s44279-024-00143-x

Jaccard, P. (1908). Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bulletin de la Societé Vandoise des Sciences Naturelles*, *44*, 223-270.

Jia, X. D., Wang, T., Zhai, M., Li, Y. R., & Guo, Z. R. (2011). Genetic diversity and identification of Chinese-grown pecan using ISSR and SSR markers. *Molecules (Basel)*, *16*(12), 10078-10092. https://doi.org/10.3390/molecules161210078

Jump, A. S., Mátyás, C., & Peñuelas, J. (2009). The altitude-for-latitude disparity in the range retractions of woody species. *Trends in Ecology & Evolution*, *24*(12), 694-701. https://doi.org/10.1016/j.tree.2009.06.007

Kyratzis, A. C., Nikoloudakis, N., & Katsiotis, A. (2019). Genetic variability in landraces populations and the risk to lose genetic variation: The example of landrace 'Kyperounda' and its implications for ex situ conservation. *PloS One*, *14*(10), Article e0224255. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224255

Li, W. L. (2012). *Determinación de la variación genética en plantas regeneradas a través de embriogénesis somática utilizando diferentes explantes de papaya* [Master's thesis]. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco.

Li, Y. C., Korol, A. B., Fahima, T., Beiles, A., & Nevo, E. (2002). Microsatellites: Genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: A review. *Molecular Ecology*, *11*(12), 2453-2465. https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2002.01643.x

Li, Y. L., & Liu, J. X. (2018). StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resources*, *18*(1), 176-177. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12719

Maguire, T. L., Peakall, R., & Saenger, P. (2002). Comparative analysis of genetic diversity in the mangrove species Avicennia marina (Forsk.) Vierh. (Avicenniaceae) detected by AFLPs and SSRs. *Theoretical and Applied Genetics*, *104*(2-3), 388-398. https://doi.org/10.1007/s001220100724

Mangal, V., Verma, L. K., Singh, S. K., Saxena, K., Roy, A., Karn, A., Rohit, R., Kashyap, S., Bhatt, A., & Sood, S. (2024). Triumphs of genomic-assisted breeding in crop improvement. *Heliyon*, *10*(15), Article e35513. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e35513

Marques Junior, E., Rosado, L. D. S., Costa, A. C., Caixeta, E. T., & Dos Santos, C. E. M. (2023). Full-sib progenies show greater genetic diversity than half-sib progenies in sour passion fruit: An approach by ssr markers. *Molecular Biology Reports*, *50*(5), 4133-4144. https://doi.org/10.1007/s11033-023-08340-5

Morillo, E., Buitron, J., Yanez, D., Mournet, P., Vásquez-Castillo, W., & Viteri, P. (2025). Genetic assessment in the andean tropical fruits *Solanum quitoense* Lam. and *S. betaceum* Cav.: Efforts towards a molecular breeding approach. *Plants (Basel)*, *14*(6), Article 874. https://doi.org/10.3390/plants14060874

Nybom, H. (2004). Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Molecular Ecology*, *13*(5), 1143-1155. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02141.x

Ojeda Barrios, D. L. (2002). *Uso eficiente de la fertilización nitrogenada en el cultivo del nogal pecanero [Carya Illinoensis (wangenh) K. Koch] variedad western schley* [Doctoral dissertation]. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

Oliveira, L. O., Santos, D. D., Beise, D. C., Poletto, T., Poletto, I., Muniz, M. F. B., Zeist, J. N. O., & Stefenon, V. M. (2023). Old but still good: genetic diversity of ancient pecan genotypes from southern Brazil. *Anais da Academia Brasileira de Ciencias*, *95*(suppl 1), Article e20220885. https://doi.org/10.1590/0001-3765202320220885

Peakall, R., & Smouse, P. E. (2006). GENALEX 6: Genetic analysis in Excel: Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, *6,* 288-295. https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x

Plan de mejora competitiva. (2015). Clúster de la nuez pecán. https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/09_plan_de_mejora_competitiva_-_cluster_de_la_nuez_pecan.pdf

Poletto, T., Poletto, I., Marques, C. E. C., Silva, A. K. S., Kubenka, K., Chatwin, W., Gailing, O., & Stefenon, V. M. (2024). CertiBase: A genetic database for cultivar certification and genetic breeding of pecan in Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, *24*(3), Article e493924310. https://doi.org/10.1590/1984-70332024v24n3a35

Poletto, T., Poletto, I., Silva, L. M. M., Muniz, M. F. B., Reiniger, L. R. S., Richards, N., & Stefenon, V. M. (2020). Morphological, chemical and genetic analysis of southern Brazilian pecan (Carya illinoinensis) accessions. *Scientia Horticulturae*, *262*, Article 108863. https://doi.org/10.1016/j.scienta.2019.108863

Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, *155*(2), 945-959. https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945

Rivas, J. G., Martínez, M. C., García, M. N., Acuña, C. V., Aguirre, N. C., Villalba, P. V., & Marcucci Poltri, S. N. (n.d.). *Panel de marcadores moleculares "PecanBiocoding" para trazabilidad y control de multiplicación de cultivares de pecan*. Argentina.gob.ar. https://www.argentina.gob.ar/tecnologias/panel-de-marcadores-moleculares-pecanbiocoding-para-trazabilidad-y-control-de

Rohlf, F. J. (2008). *NTSYS-PC: Numerical taxonomy and multivariate analysis system* (Version 2.0). Exeter Software.

Rossi, E., Ruiz, M., Bonamico, N., Aybar Guchea, M., Peña Malavera, A., Perera, M. F., Noguera, A. S., Racedo, J., Ostengo, S., & Balzarini, M. (2022). *Selección genómica en caña de azúcar: Hacia un mejoramiento más eficiente*. BICyT.

Rüter, B., Hamrick, J. L., & Wood, B. W. (1999). Genetic diversity within provenance and cultivar germplasm collections versus natural populations of pecan (*Carya illinoinensis*). *Journal of Heredity, 90*(5), 521-528. https://doi.org/10.1093/jhered/90.5.521

Selkoe, K. A., & Toonen, R. J. (2006). Microsatellites for ecologists: A practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters*, *9*(5), 615-629. https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2006.00889.x

Sloan, D. B., Barr, C. M., Olson, M. S., Keller, S. R., & Taylor, D. R. (2008). Evolutionary rate variation at multiple levels of biological organization in plant mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution*, *25*(2), 243-246. https://doi.org/10.1093/molbev/msm266

Soldati, M. C., Fornes, L., Van Zonneveld, M., Thomas, E., & Zelener, N. (2013). An assessment of the genetic diversity of Cedrela balansae C. DC. (Meliaceae) in Northwestern Argentina by means of combined use of SSR and AFLP molecular markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, *47*, 45-55. https://doi.org/10.1016/j.bse.2012.10.011

Soltis, D. E., Morris, A. B., McLachlan, J. S., Manos, P. S., & Soltis, P. S. (2006). Comparative phylogeography of unglaciated eastern North America. *Molecular Ecology*, *15*(14), 4261-4293. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.03061.x

Sumano Lopez, G. (2022). *Micropropagación a partir de tejido aéreo de vitroplantas de cocotero (Cocos nucifera L.)* [Master's thesis]. Centro de Investigación Científica de Yucatán. https://cicy.repositorioinstitucional.mx/jspui/handle/1003/2154

Tang, S., Dai, W., Li, M., Zhang, Y., Geng, Y., Wang, L., & Zhong, Y. (2008). Genetic diversity of relictual and endangered plant Abies ziyuanensis (Pinaceae) revealed by AFLP and SSR markers. *Genetica*, *133*(1), 21-30. https://doi.org/10.1007/s10709-007-9178-x

Wang, X., Chatwin, W., Hilton, A., & Kubenka, K. (2022). Genetic diversity revealed by microsatellites in *Genus Carya*. *Forests*, *13*(2), Article 188. https://doi.org/10.3390/f13020188

Wang, X., Stein, L., Black, M., Kubenka, K., Randall, J., & Ding, C. (2024). Phenotypic diversity and population structure of Pecan (Carya illinoinensis) collections reveals geographic patterns. *Scientific Reports*, *14*(1), Article 18592. https://doi.org/10.1038/s41598-024-69521-1