



Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Forestales. Ingeniería Agronómica

Estudiante
Sol Anahí Quesnel Kiefl

Estudios de parámetros genéticos a partir de mediciones morfométricas de pirenes y semillas de *Butia noblickii* Deble, Marchiori, F.S. Alves & A.S. Oliveira, una palmera endémica amenazada de la región centro sur de Corrientes, Argentina

Trabajo integrador final presentado para obtener el título de “Ingeniera Agrónoma”

Orientadora
Ing. Ftal. Mgter. Sandra Patricia Rocha
Co-Orientadora
Ing. Ftal. Peggy Thalmayr

Septiembre 2024

Eldorado (Misiones, Argentina)



Esta obra está licenciado bajo Licencia Creative Commons (CC) Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional. <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>



**UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE MISIONES**



**FACULTAD
DE CIENCIAS
FORESTALES**

TRABAJO INTEGRADOR FINAL

Ingeniería agronómica

Título

Estudios de parámetros genéticos a partir de mediciones morfométricas de pirenes y semillas de *Butia noblickii* Deble, Marchiori, F.S. Alves & A.S. Oliveira, una palmera endémica amenazada de la región centro sur de Corrientes, Argentina

Estudiante

QUESNEL KIEFL, Sol Anahí

Orientadora

Ing. Ftal. Mgter. ROCHA, Sandra Patricia

Co-orientadora

Ing. Ftal. THALMAYR, Peggy

Eldorado

Argentina

Septiembre de 2024

PREFACIO

Esta Integradora Final se presenta como parte de los requisitos para optar al grado Académico de Ingeniero Agrónomo de la Universidad Nacional de Misiones. La misma contiene los resultados obtenidos en los trabajos llevados a cabo en el ámbito de la Facultad de Ciencias Forestales durante el período comprendido entre el mes de agosto del año 2021 y el mes julio del año 2022, bajo la orientación de ROCHA, Patricia y co-orientación de THALMAYR, Peggy.

.....

QUESNEL KIEFL, SOL ANAHÍ

Ha sido defendida y aprobada el/...../....., mereciendo la calificación de(.....).

Siendo los evaluadores:

Nombre: _____

Firma: _____

Nombre: _____

Firma: _____

Nombre: _____

Firma: _____

Autora: QUESNEL KIEFL, Sol Anahí: Estudiante de Ingeniería Agronómica, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Misiones. Bertoni N° 124, Eldorado, Misiones, Argentina. C.P. 3380. *Email:* sol.kiefl@gmail.com

Orientadora: ROCHA, Sandra Patricia: Profesora Titular de las asignaturas Genética y Mejoramiento Agrícola, Mejoramiento Forestal y Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Misiones. Bertoni N° 124, Eldorado, Misiones, Argentina. C.P. 3380. *Email:* patricia.rocha@fcf.unam.edu.ar

Co-orientadora: THALMAYR, Peggy: Ayudante de Primera de las asignaturas Genética y Mejoramiento Agrícola, Mejoramiento Forestal y Producción Vegetal, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Misiones. Bertoni N.º 124, Eldorado, Misiones, Argentina. C.P. 3380. *Email:* peggy.thalmayr@fcf.unam.edu.ar

ÍNDICE DE CONTENIDO

RESUMEN.....	6
SUMMARY	7
1. INTRODUCCIÓN	8
2. HIPÓTESIS	11
3. OBJETIVO GENERAL	11
4. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	11
5. MATERIALES Y MÉTODOS	11
5. 1. Descripción general del área de estudio	11
5. 2. Variables por estudiar.....	13
5. 3. Procedimientos	13
5. 4. Diseño experimental y análisis.....	13
6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	17
6. 1. Desempeño de las progenies de <i>B. noblickii</i>	17
6.2. Parámetros genéticos.....	22
7. CONCLUSIONES	23
8. RECOMENDACIONES	24
9. AGRADECIMIENTOS	24
10. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	25

LISTA DE TABLAS

Tabla 1. Número de repeticiones en cada una de las 56 progenies donde se analizaron las características cantidad de lóculos, largo de pirene y ancho de pirene.	14
Tabla 2. Número de repeticiones en cada una de las 12 progenies en las cuales se analizaron las características peso de pirene, peso, largo y ancho de semilla.....	15
Tabla 3. Características descriptivas de los pirenes de <i>B. noblickii</i> con su correspondiente cantidad de repeticiones a su derecha.	20
Tabla 4. Características descriptivas de los pirenes y semillas de <i>B. noblickii</i> con su correspondiente cantidad de repeticiones a su derecha.	21
Tabla 5. Parámetros genéticos estimados para características descriptivas de pirenes y semillas de <i>B. noblickii</i>	22

TABLA DE FIGURAS

Figura 1. Mapa de la localización del palmar de <i>B. noblickii</i>	12
Figura 2. Proceso de extracción y medición de las semillas de <i>B. noblickii</i>	13
Figura 3. Adultos y larvas del coleóptero que se alimentan de las semillas de <i>B. noblickii</i> (superior). Pirenes y semillas de <i>B. noblickii</i> atacadas por hongos (inferior).....	17

RESUMEN

El estudio de la diversidad genética es crucial para establecer bancos genéticos, guiar políticas de manejo y diseñar estrategias de conservación, garantizando la preservación de la diversidad biológica y genética. Con este propósito, se analizaron los parámetros genéticos de progenies de poblaciones silvestres de *B. noblickii* cerca de Paso de los Libres y Bonpland, Corrientes, a partir de la biometría de frutos y semillas, con el objetivo de evaluar su relación con la diversidad genética de estas poblaciones. En este estudio se procesaron 1680 pirenes de 56 progenies de polinización abierta de *B. noblickii*, recolectados en las mencionadas localidades. Se evaluaron largo, diámetro, peso de pirenes y semillas, y número de semillas por pirene, usando un diseño completamente aleatorizado. Para todas las características evaluadas se observaron diferencias estadísticamente significativas entre las progenies. Los pirenes más grandes correspondieron a las progenies de PECO04 ($2,17 \pm 0,07$ g, $24,18 \pm 0,23$ mm de largo y $12,74 \pm 0,17$ mm de diámetro) y PECO06 ($24,77 \pm 0,23$ mm de largo y $15,09 \pm 0,17$ mm de diámetro). Las semillas más grandes se observaron en la progenie de SAJO04 ($12,41 \pm 0,17$ mm de largo, $9,00 \pm 0,17$ mm de diámetro y $0,51 \pm 0,01$ g). El 30,8% de los pirenes fueron atacados por coleópteros y el 51,8% por hongos, con algunos casos de afectación por ambos. Se estimó la varianza genética, fenotípica y la heredabilidad en sentido amplio usando el modelo lineal mixto REML. Se registraron valores moderados y altos de coeficiente de variación fenotípica ($CV_F\%$) y genotípica ($CV_G\%$). La diferencia entre $CV_F\%$ y $CV_G\%$ fue estrecha, indicando poca influencia ambiental. Los valores más altos de $CV_F\%$ y $CV_G\%$ se observaron en el peso de la semilla y los más bajos en el ancho del pirene. La heredabilidad varió del 99,26% (largo del pirene) al 93,03% (cantidad de lóculos). El mayor coeficiente de variación relativa fue en el largo del pirene (11,61) y el menor en la cantidad de lóculos (3,65). Las progenies evaluadas mostraron considerable variabilidad fenotípica y genotípica, por ello deben considerarse para futuros planes de conservación, restauración o mejoramiento de la especie.

Palabras clave: *Arecaceae*, conservación, restauración, biometría, Palmera de Bonpland.

SUMMARY

The study of genetic diversity is crucial for establishing gene banks, guiding management policies, and designing conservation strategies, ensuring the preservation of biological and genetic diversity. To this end, genetic parameters of progenies from wild populations of *B. noblickii* near Paso de los Libres and Bonpland, Corrientes, were analyzed using fruit and seed biometrics to evaluate their relationship with the genetic diversity of these populations. In this study, 1,680 pyrenes from 56 open-pollinated progenies of *B. noblickii* were processed, collected from the mentioned locations. Length, diameter, weight of pyrenes and seeds, and the number of seeds per pyrene were evaluated using a completely randomized design. Statistically significant differences were observed among progenies for all characteristics evaluated. The largest pyrenes were found in the progenies of PECO04 (2.17 ± 0.07 g, 24.18 ± 0.23 mm in length, and 12.74 ± 0.17 mm in diameter) and PECO06 (24.77 ± 0.23 mm in length and 15.09 ± 0.17 mm in diameter). The largest seeds were observed in the progeny of SAJO04 (12.41 ± 0.17 mm in length, 9.00 ± 0.17 mm in diameter, and 0.51 ± 0.01 g). Additionally, 30.8% of the pyrenes were attacked by coleopterans, and 51.8% by fungi, with some cases of dual infestation. Genetic variance, phenotypic variance, and broad-sense heritability were estimated using the REML mixed linear model. Moderate to high values of phenotypic coefficient of variation (PCV%) and genotypic coefficient of variation (GCV%) were recorded. The narrow difference between PCV% and GCV% indicated minimal environmental influence. The highest PCV% and GCV% were observed in seed weight, while the lowest were in pyrene width. Heritability ranged from 99.26% (pyrene length) to 93.03% (number of locules). The highest relative variation coefficient was in pyrene length (11.61) and the lowest in the number of locules (3.65). The evaluated progenies exhibited considerable phenotypic and genotypic variability, and thus should be considered for future conservation, restoration, or breeding programs for the species.

Keywords: *Arecaceae*, conservation, restoration, biometry, Bonpland palm.

1. INTRODUCCIÓN

Desde la instauración de la Convención sobre la Biodiversidad en 1992, se han establecido metas fundamentales: conservar la biodiversidad, garantizar el uso sostenible de sus componentes y promover una distribución justa de los beneficios. El Marco Mundial de Biodiversidad Kunming-Montreal, con una perspectiva hasta el año 2050, enfatiza la importancia de mantener la integridad de los ecosistemas y reducir la extinción, incluyendo el mantenimiento de la diversidad genética en las poblaciones de especies silvestres y domesticadas. En este contexto, la conservación de especies amenazadas y la diversidad genética se alinean con los objetivos de preservación y gestión sostenible de la biodiversidad, contribuyendo así a asegurar un futuro sostenible (MACDONALD, 2023).

En este contexto de creciente preocupación por la conservación de la biodiversidad y los recursos genéticos, las palmeras (*Arecaceae*) destacan como una familia de plantas de gran importancia, tanto por su diversidad biológica como por su relación íntima con la cultura y la economía de diversos pueblos. Con más de 2500 especies agrupadas en aproximadamente 190 géneros distribuidas en regiones tropicales y subtropicales, las palmeras han proporcionado recursos esenciales a lo largo de la historia (JOHNSON, 2011; HILGERT *et al.*, 2020), desde alimentos, medicina y combustible hasta material de construcción, artesanías y uso ornamental (CALLAO ESCALADA *et al.*, 2023; JOHNSON, 2011). Esto subraya la necesidad de su preservación en línea con los objetivos globales establecidos por la Convención sobre la Biodiversidad y el Marco Mundial de Biodiversidad Kunming-Montreal. Según HILGERT *et al.* (2020) durante los últimos años, en Argentina, Brasil y Uruguay, ha estado tomando relevancia la puesta en valor de las palmeras locales.

El género *Butia* (Becc.) Becc. está integrado por 24 especies. Es un género neotropical endémico de la región centro este de Sudamérica, que abarca desde la región centro sur de Brasil hasta Uruguay, Paraguay y Argentina, donde sus especies se distribuyen esencialmente en la región Mesopotámica (CALLAO ESCALADA *et al.*, 2023; SOARES, 2015). Conforme con CALLAO ESCALADA *et al.* (2023) su valor ornamental es aprovechado en arbolados urbanos debido a que brinda un valor escénico al paisaje, además de que provee frutos comestibles a los habitantes de su entorno. Varias especies del género *Butia* están contempladas como palmeras NUS (*Neglected and Underutilized Species*), que considera a ciertas especies como desaprovechadas a pesar de contar con un gran potencial para combatir el hambre, la pobreza y aumentar la resiliencia de los ecosistemas agrícolas frente al cambio climático (PADULOSI *et al.*, 2013; HILGERT *et al.*, 2020). En nuestro país, 7 de las 15 especies de palmeras nativas corresponden a este género, de las cuales 2 son especies endémicas: *B. poni* (Hauman) Burret y *B.*

noblickii, ambas muy poco conocidas (CALLAO ESCALADA *et al.*, 2023; VELAZCO e INSAURRALDE, 2020; ZULOAGA *et al.*, 2019).

La palmera de Bonpland (*Butia noblickii* Deble, Marchiori, F.S. Alves & A.S. Oliveira) fue descrita en el 2012 como una planta monoica de 3-8 metros de altura endémica del sureste de la provincia de Corrientes (Argentina). El fruto es una drupa amarilla o amarilla anaranjada cubierta de escamas del perianto, de 3-5 cm de largo y 2,5-3 cm de ancho. El mesocarpio es carnoso y ligeramente fibroso, el endocarpio (pirene) está lignificado, presenta una forma elíptica, 18-24 mm de largo, 10-14 mm de diámetro que contiene 1-3 semillas. Éstas tienen una cubierta rojiza con numerosas fibras blancas, son reniformes y en el extremo proximal presentan el opérculo bajo el cual se encuentra el embrión, que es lineal, basal y falciforme, y se encuentra en una cavidad rodeada de endosperma de aspecto aceitoso, que no está ruminado (OLIVEIRA *et al.*, 2013).

Acorde con DEBLE *et al.* (2012) su hábitat se establece en una estrecha zona costera del Río Uruguay, desde Yapeyú hasta Bonpland, donde se pueden encontrar individuos aislados y pequeños grupos que crecen en dunas y suelos arenosos. El palmeral más importante se encuentra al sur del Arroyo Yatay, alrededor de la ciudad de Paso de los Libres, formando una franja casi continua al sureste de la ciudad de Bonpland.

CRUZ *et al.* (2020) comentan que numerosas regiones se ven afectadas por la expansión de cultivos anuales y actividades humanas durante la urbanización o industrialización. Asimismo, áreas de vegetación nativa o bosques remanentes han sufrido degradación por extracción de recursos, introducción de especies invasoras y factores ambientales como incendios y urbanización. Por su parte, DEBLE *et al.* (2012) clasifican a *B. noblickii* como una especie que se está enfrentando a un riesgo de extinción muy alto en estado de vida silvestre, según los estándares de IUCN (2010), debido a su área de ocupación estimada menor a 500 km² con un tamaño de la población estimada en menos de 2500 individuos maduros. Esta degradación se presume que es consecuencia del desarrollo de la actividad agrícola y ganadera en la zona (DEBLE *et al.*, 2012; PlanEAR, 2024, “en línea”).

Una población de tamaño limitado es más susceptible a los efectos de la deriva génica aleatoria que a los de la selección natural (CRUZ *et al.*, 2020; LANDE, 1999). CRUZ *et al.* (2020) indica que esta deriva se trata de un proceso estocástico que modifica la frecuencia alélica a nivel poblacional, generando la predominancia de ciertas combinaciones genotípicas, pudiendo llegar a eliminar ciertos genotipos. De esta manera, debido a la segregación mendeliana y a las variaciones en el tamaño de las familias, generalmente resulta en una disminución promedio de la variabilidad genética en una población (LANDE, 1999).

CRUZ *et al.* (2020) afirman que esta pérdida de variabilidad genética impacta directamente a la divergencia genética poblacional con una consecuente pérdida en la capacidad de respuesta de

la especie a alteraciones ambientales y una disminución del valor adaptativo. Entonces, es esencial obtener estimaciones confiables de parámetros genéticos, los cuales abarcan información sobre la variabilidad de las poblaciones, para entender la estructura genética y evaluar su potencial de mejora genética (DOMICIANO *et al.*, 2015). Además, conocer y cuantificar la variación genética y fenotípica intraespecífica es crucial para comprender las dinámicas de las poblaciones naturales, planificar la conservación de especies amenazadas y prever cómo la pérdida de genotipos puede impactar el rendimiento de las poblaciones, especialmente frente a cambios climáticos e impactos antropogénicos (NIELLA *et al.*, 2022; FORSMAN y WENNERSTEN, 2015; FOSTER HUENNEKE, 1991).

Una mejora genética efectiva conlleva tener un cierto nivel de comprensión sobre la variabilidad genética presente en el germoplasma del cultivo, conociendo cuánto de la misma se transmitirá a generaciones futuras, es decir su heredabilidad (RESENDE, 2016; SHAFIQUE *et al.* 2016). A su vez, la estimación de los componentes de la varianza es importante para detectar la cantidad de variabilidad presente en el germoplasma, siendo cruciales en los programas de mejora genética (RESENDE, 2016; IDRIS *et al.*, 2012).

Los parámetros genéticos de una población en proceso de mejora están influenciados por los efectos ambientales que han afectado a la población en el momento de registrar los valores fenotípicos de las variables poligénicas (RESENDE, 2007; FALCONER y MACKAY, 1996). En este contexto, los marcadores genéticos son herramientas valiosas para evaluar la variabilidad y divergencia genética, representando rasgos de herencia simple que están ligados a características deseables pero difíciles de registrar directamente, ya sea a nivel molecular con la variación de un nucleótido del ADN o a nivel morfológico con cambios fenotípicos heredables significativos (ACQUAAH, 2012; LEVITUS *et al.*, 2010).

La morfometría de frutos y semillas es un ejemplo de marcadores morfológicos. Estos marcadores son de bajo costo, fáciles de detectar y cuantificar, y se manifiestan en fenotipos adultos, reflejando la interacción entre genes y ambiente. Por estas razones, son ampliamente utilizados en estudios de nuevos materiales genéticos y en el análisis de patrones de variación genética, demostrando su potencial para estudios de divergencia genética (DE SOUSA *et al.*, 2017; ASARE *et al.*, 2011). En contraste, los marcadores moleculares, según ACQUAAH (2012), se detectan a nivel subcelular, pueden analizarse antes de la etapa adulta del organismo y requieren procedimientos químicos específicos para su evaluación.

De acuerdo con CRUZ *et al.* (2020) la investigación de la diversidad genética y diferenciación entre poblaciones es esencial para establecer bancos genéticos, guiar políticas de manejo de recursos y diseñar estrategias de conservación a diferentes escalas geográficas, garantizando así la preservación de la diversidad biológica y genética. Estos esfuerzos también son

fundamentales para el desarrollo de estrategias de protección y aprovechamiento, lo que requiere de la mejora genética y la conservación del germoplasma. Por lo tanto, se considera indispensable realizar estudios de divergencia genética (MOURA *et al.*, 2010; CALDAS MENDES *et al.*, 2019). No hay estudios de ese tipo para la palmera de Bonpland. Por esta razón, el presente estudio tiene como objetivo conocer los parámetros genéticos de las características morfométricas de pirenes y semillas de *B. noblickii* para comprender así, la estructura genética de las poblaciones silvestres.

2. HIPÓTESIS

La divergencia genética de poblaciones naturales de *B. noblickii* situadas en cercanías de la ciudad de Paso de los Libres y la localidad de Bonpland, Corrientes, Argentina puede ser cuantificada a partir de variables morfométricas de pirenes y semillas.

3. OBJETIVO GENERAL

Determinar los parámetros genéticos de progenies de poblaciones silvestres de *B. noblickii*.

4. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Evaluar las dimensiones de largo, diámetro mayor y peso de pirenes y semillas, y el número de semillas por pirene obtenidos de frutos de *B. noblickii* cosechados en poblaciones silvestres ubicadas en las cercanías de la ciudad de Paso de los Libres y la localidad de Bonpland, Corrientes.
- Determinar los parámetros genéticos de características biométricas de pirenes y semillas de *B. noblickii* procedentes de poblaciones naturales ubicadas en las cercanías de la ciudad de Paso de los Libres y la localidad de Bonpland, Corrientes.

5. MATERIALES Y MÉTODOS

5. 1. Descripción general del área de estudio

Se trabajó en 6 palmares o parches poblacionales de *B. noblickii* ubicados en arenales entre la ciudad de Paso de los Libres y la localidad de Bonpland, Corrientes-Argentina, conformando la

región Centro-Sur de la provincia de Corrientes, que está al margen izquierdo del río Uruguay. Según OYARZABAL *et al.* (2018) el área de estudio se encuentra en la “Pradera hidrofílica de *Andropogon lateralis*”, llamada popularmente como “Malezales”, en la Provincia fitogeográfica Pampeana. Presenta lomas con 1 a 3 % de pendiente y planicies suaves con pendientes de 1 a 2 %, largas (ACOSTA *et al.*, 2009). La temperatura media anual es de 19.8 °C con una precipitación anual de 1171 mm (HICKMANN *et al.*, 2008). No tiene estación seca, siendo otoño la época más lluviosa y el invierno la más seca, a pesar de este aparente exceso de agua, hay un déficit en verano. Las heladas son poco frecuentes, teniendo alrededor de 340 días libres de heladas al año (ACOSTA *et al.*, 2009).

El hábitat de *B. noblickii* se establece en una estrecha zona costera del Río Uruguay, desde Yapeyú hasta Bonpland, donde se pueden encontrar individuos aislados y pequeños grupos que crecen en dunas y suelos arenosos. El palmeral más importante se encuentra al sur del Arroyo Yatay, alrededor de la ciudad de Paso de los Libres, formando una franja casi continua al sureste de la ciudad de Bonpland (Figura 1) (DEBLE *et al.*, 2012).

El presente trabajo se desarrolló en el marco del Proyecto 16/F1142-IDP “Diagnóstico del estado poblacional y reproductivo de la palmera endémica amenazada *Butia noblickii* y desarrollo de técnicas de propagación para su conservación y restauración”. Los experimentos se realizaron en el Laboratorio de Propagación Vegetativa, Domesticación y conservación de los Recursos Fitogenéticos (LAPROVECO) de la Facultad de Ciencias Forestales de la Universidad Nacional de Misiones (FCF-UNaM).

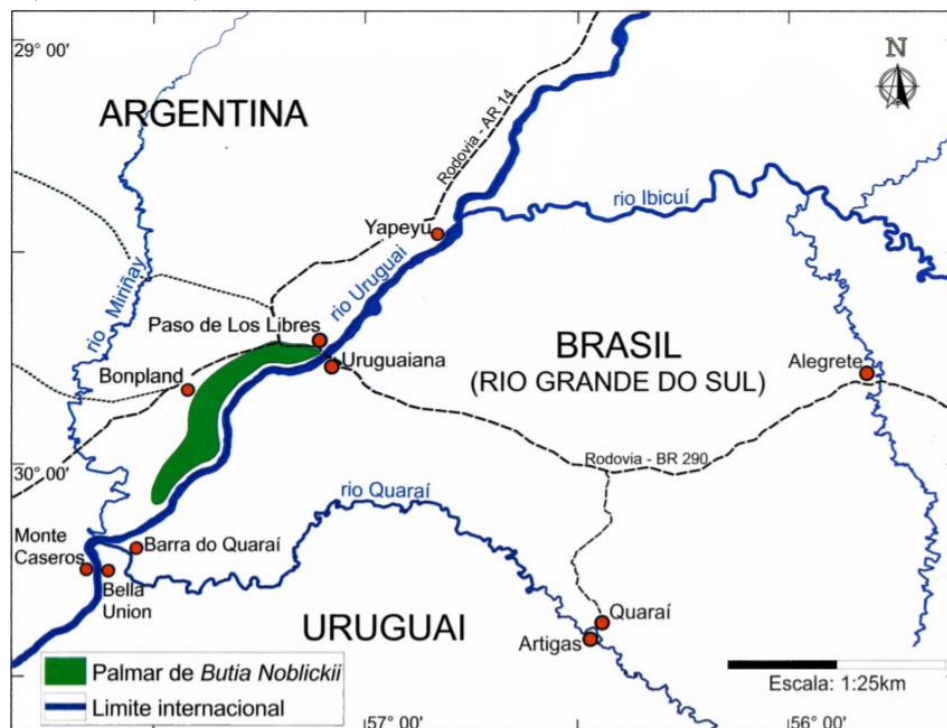


Figura 1. Mapa de la localización del palmar de *B. noblickii* (DEBLE *et al.*, 2012).

5. 2. Variables por estudiar

Para el análisis morfométrico de pirenes y semillas de *B. noblickii* las variables a evaluar fueron el peso (g), diámetro mayor (mm) y largo (mm), además de la cantidad de lóculos del pirene. También se registró si las semillas fueron atacadas por insectos u hongos.

5. 3. Procedimientos

Se localizaron 56 progenies de polinización abierta en cercanías de la ciudad de Paso de los Libres y la localidad de Bonpland, Corrientes, Argentina. La recolección de frutos se realizó por Aparicio Gustavo, estudiante de la Especialidad en Biología de la Conservación (FCF, UNaM), miembro del proyecto 16/F1142-IDP. Los frutos fueron despulpados en el lugar, y los pirenes fueron enviados al LAPROVECO. Una vez recibidos, los pirenes fueron almacenados en bolsas de papel a temperatura de cámara de cría ($27 \pm 0.2^\circ \text{C}$) hasta el momento de la extracción de la semilla.

Se procesaron 1680 pirenes de *B. noblickii*. La extracción de semilla se realizó manteniendo la trazabilidad de cada individuo, los pirenes se abrieron con la ayuda de una morsa y se registraron la cantidad de lóculos y la cantidad de semillas obtenidas por pirene, luego se pesaron con una balanza digital y se midieron el largo y diámetro mayor con un calibre (Figura 2).



Figura 2. Proceso de extracción y medición de las semillas de *B. noblickii*. Imágenes superiores de Rocha, Patricia e inferiores de autoría propia.

5. 4. Diseño experimental y análisis

Para el análisis morfométrico los datos fueron evaluados en un diseño completamente aleatorizado, considerando a las 56 progenies como tratamientos y entre 27 a 30 repeticiones por

cada tratamiento (Tabla 1), debido a que en el proceso de despulpado se perdieron un 4,3% de los pirenes. La unidad experimental y observacional fue el pirene. A su vez, de las 56 progenies analizadas se registró afectación por ataque de coleópteros y de hongos, existiendo casos de afectación por ambos. Es por ello que, para el análisis de las variables de peso de pirene, peso, largo y ancho de semilla, se consideró solamente a las progenies que presentaron un mínimo de 12 repeticiones sin afectación de coleópteros ni hongos. Así, se analizaron 12 progenies donde la unidad experimental y observacional fue el pirene y la semilla correspondiente (Tabla 2).

Tabla 1. Número de repeticiones en cada una de las 56 progenies donde se analizaron las características cantidad de lóculos, largo y ancho de pirene.

Progenie	Número de repeticiones	Progenie	Número de repeticiones
COCA10	29	SAJO08	29
COCA09	29	SAJO07	29
COCA08	29	SAJO06	29
COCA04	30	SAJO05	29
COCA03	27	SAJO04	29
COCA02	28	SAJO03	27
COCA01	28	SAJO02	27
CRIO10	29	SAJO01	28
CRIO09	29	SANT10	29
CRIO08	29	SANT09	29
CRIO07	29	SANT08	30
CRIO06	30	SANT07	29
CRIO04	30	SANT06	29
CRIO03	29	SANT05	27
CRIO02	30	SANT04	28
CRIO01	30	SANT03	27
PECO10	29	SANT02	28
PECO09	27	SANT01	29
PECO08	29	TRES10	29
PECO07	28	TRES09	29
PECO06	28	TRES08	29
PECO05	28	TRES07	29
PECO04	27	TRES06	29
PECO03	28	TRES05	29
PECO02	29	TRES04	29
PECO01	29	TRES03	29
SAJO10	29	TRES02	30
SAJO09	30	TRES01	27

Tabla 2. Número de repeticiones en cada una de las 12 progenies en las cuales se analizaron las características peso de pirene, peso, largo y ancho de semilla.

Progenie	Número de repeticiones (Peso de pirene)	Número de repeticiones (Peso de semilla)	Número de repeticiones (Largo de semilla)	Número de repeticiones (Ancho de semilla)
CRIO06	23	27	27	27
CRIO07	28	44	44	44
CRIO10	29	46	46	46
PECO04	15	20	20	20
PECO10	20	24	24	24
SAJO01	21	26	26	26
SAJO02	12	12	12	12
SAJO04	27	27	27	27
SAJO05	16	19	19	19
SAJO06	23	23	23	23
SAJO07	29	34	34	34
SAJO09	24	25	25	25

Para el análisis morfométrico de los datos, se realizó el análisis de la varianza, previo análisis de los supuestos de normalidad y homocedasticidad, para evaluar si existieron diferencias estadísticamente significativas entre las progenies. Al observarse diferencias estadísticamente significativas mediante la prueba F, se utilizó la prueba de Scott Knott al 5% de probabilidad para comparar las progenies.

Para la determinación de los parámetros genéticos de las variables morfométricas de pirenes y semillas, se estimó la varianza genética, fenotípica y la heredabilidad en sentido amplio utilizando el modelo linear mixto REML (*Restricted Maximum Likelihood*). Para el análisis se utilizó el Software estadístico InfoStat estudiantil versión 2014 (DI RIENZO *et al.*, 2014). El modelo estadístico fue el siguiente:

$$Y_i = \mu + p_i + e_i$$

Donde: Y_i : vector de datos; μ : media general, asumido como fijo; p_i : efecto de la progenie, asumido como aleatorio; e_i : error, considerado como aleatorio.

Una vez obtenidas las estimaciones de los desvíos genotípico y ambiental individual, se los elevó al cuadrado para obtener la varianza genotípica y la varianza ambiental media respectivamente. Luego, con las mismas se procedió al cálculo de los parámetros genéticos restantes basándonos en las siguientes fórmulas (HALLAUER *et al.*, 2010):

Varianza ambiental media:

$$\sigma_A^2 = \frac{\sigma_{Ai}^2}{r}$$

Donde σ_A^2 : varianza ambiental media; σ_{Ai}^2 : varianza ambiental individual; r : número promedio de repeticiones.

Varianza fenotípica:

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_A^2$$

Donde σ_F^2 : varianza fenotípica; σ_G^2 : varianza genotípica; σ_A^2 : varianza ambiental media.

Heredabilidad en sentido amplio:

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

Donde H^2 : heredabilidad en sentido amplio; σ_G^2 : varianza genotípica; σ_F^2 : varianza fenotípica.

Coefficiente de variación genotípica:

$$CV_G\% = \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{\mu} \times 100$$

Donde $CV_G\%$: coeficiente de variación genotípica; σ_G^2 : varianza genotípica; μ : media general de la población.

Coefficiente de variación ambiental:

$$CV_A\% = \frac{\sqrt{\sigma_A^2}}{\mu} \times 100$$

Donde $CV_A\%$: coeficiente de variación ambiental; σ_A^2 : varianza ambiental media; μ : media general de la población.

Coefficiente de variación fenotípica:

$$CV_F\% = \frac{\sqrt{\sigma_F^2}}{\mu} \times 100$$

Donde $CV_F\%$: coeficiente de variación fenotípica; σ_F^2 : varianza fenotípica; μ : media general de la población.

Coefficiente de variación relativo:

$$CV_r = \frac{CV_G\%}{CV_A\%}$$

Donde CV_r : coeficiente de variación relativo; $CV_G\%$: coeficiente de variación genotípica; $CV_A\%$: coeficiente de variación ambiental.

6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

6. 1. Desempeño de las progenies de *B. noblickii*

Las progenies analizadas presentaron diferencias estadísticamente significativas en todas las características morfométricas de los pirenes y semillas examinadas (Tabla 3 y 4). Esto nos permite inferir que hay variación genética entre las progenies para las características analizadas, lo que es una condición determinante para un programa de mejora (TUPAZ-VERA *et al.*, 2023; FERRARI *et al.*, 2022). Estos resultados concuerdan con los estudios realizados en *B. capitata* (FRUGERI *et al.*, 2023), donde también se observaron diferencias morfométricas significativas entre las poblaciones para las mismas características analizadas en este trabajo. En cambio, en el estudio de *B. purpurascens* de ROCHA *et al.* (2022) no se registró variación en el peso del pirene, pero sí en el largo y ancho de pirene. Acorde con FENNER y THOMPSON (2005) una gran cantidad de estudios que buscan entender la dispersión y el establecimiento de las plántulas de palmeras para analizar su potencial reproductivo se enfocan principalmente en el tamaño y otras características de los pirenes y semillas.

Se observó que el 30,8% de los pirenes analizados presentaron afectación por ataque de coleópteros, mientras que el 51,8% presentaron infestación de hongos, existiendo casos de afectación por ambos agentes (Figura 3). Del total de pirenes afectados por coleópteros, el 95,3% presentaron solo una semilla atacada, el 4,3% presentaron dos semillas atacadas y el 0,4% presentaron tres semillas atacadas. SOARES (2013) reportó para *B. yatay* que el 18,3% de los pirenes analizados presentaron afectación por coleópteros, generalmente con una única semilla predada (91% de los casos), mientras que en el 9% de los casos se observaron dos semillas predadas, sin reportarse pirenes con tres semillas atacadas. En el caso de *B. odorata*, TONIETTO *et al.* (2021) informaron que el nivel de depredación de los pirenes por coleópteros fue del 75,14%, con una larva presente en el 75,7% de los pirenes, dos larvas en el 22,1%, y tres larvas en el 2,2 % de los pirenes. Por otro lado, MARECO GARCÍA (2019) reportó la incidencia de “hongos de almacenamiento” del género *Aspergillus spp.*, *Fusarium spp.* y *Penicillium spp.* en semillas de *B. odorata*. Sin embargo, no se encontró material bibliográfico que describa la observación de semillas afectadas por hongos en el momento de la extracción del pirene, como se ha documentado en este estudio.



Figura 3. Adultos y larvas del coleóptero que se alimentan de las semillas de *B. noblickii* (superior). Pírenes y semillas de *B. noblickii* atacadas por hongos (inferior). Autoría propia.

Los pírenes más largos (más de 23,7 mm) se encontraron en las progenies PECO06, PECO07, CRIO09, PECO04 y PECO10, mientras que COCA03 presentó los pírenes más cortos ($14,38 \text{ mm} \pm 0,23 \text{ mm}$). SAJO08 y PECO06 presentaron los pírenes más anchos (más de 14,9 mm), que fueron valores significativamente más altos en comparación con las otras progenies, mientras que los pírenes más cortos (menos a 10,75 mm) correspondieron a COCA03, CRIO06, SANT09, CRIO03, TRES04, TRES10, SAJO01, SANT06, SANT08. Los pírenes más pesados se registraron en PECO04 con un peso promedio de $2,17 \text{ g} \pm 0,07 \text{ g}$, que fue un valor significativamente alto en comparación con las otras progenies evaluadas, mientras que los pírenes menos pesados (menos de 1,15 g) se registraron en CRIO06 y SAJO01. En las investigaciones realizadas por ROCHA *et al.* (2022) en *B. purpurascens* los pírenes pesaron, en promedio, $1,13 \pm 0,58 \text{ g}$ y midieron $18,99 \pm 1,92 \text{ mm}$ de largo y $10,06 \pm 1,24 \text{ mm}$ de ancho. Estudios en *B. capitata* realizados por FRUGERI *et al.* (2023) registraron pírenes con un largo promedio de $23,7 \pm 0,2 \text{ mm}$ (máximo de $26,4 \pm 0,2 \text{ mm}$ y mínimo de $21,7 \pm 0,2 \text{ mm}$), ancho promedio de $11,1 \pm 0,13 \text{ mm}$ (máximo de 11,4 y mínimo de $10,8 \pm 0,1 \text{ mm}$) y un peso de $1,63 \pm 0,36 \text{ g}$ (máximo de $2 \pm 0,5 \text{ g}$ y mínimo de $1,3 \pm 0,2 \text{ g}$).

Del total de los pírenes analizados, el 66,50% presentó un lóculo, el 30,88% presentó dos lóculos y el 2,42% presentó tres lóculos. Así, las progenies con la mayor cantidad de lóculos por pírene se observaron en TRES07, PECO07, PECO06 y PECO02, donde se presentaron en su mayoría frutos biloculares y triloculares en menor medida. SOARES (2013) analizó esta característica en *B. yatay* donde predominaron los pírenes biloculares (42,5%) y uniloculares

(41,7%) en medida similar, además fue mayor la ocurrencia de pirenes triloculares (15,8%). A su vez, en ese trabajo también se estudió esta característica en *B. witeckii*, donde el 52,8% de los pirenes analizados presentaron tres lóculos, el 35% dos lóculos y el 12,2% un lóculo. Por su parte, MOURA *et al.* (2010) registraron que en *B. capitata*, en el norte de Minas Gerais, aproximadamente 99% de los pirenes fueron uniloculares y sólo el 1% bilocular, sin presentarse pirenes triloculares. Esas diferencias en la relación entre número de semillas por pirene, acorde con CARMO y FRANCESCHINELLI (2002), pueden estar vinculadas principalmente a las características genéticas de cada material o a la presencia de polinizadores.

A su vez, el trabajo de SOARES (2013) destaca que el peso del pirene es afectado positivamente por el número de semillas, en función del llenado de más de un lóculo. Sin embargo, esa relación no se vio tan claramente explicitada en nuestros resultados ya que de las progenies donde se analizó el peso del pirene, las de mayor peso de pirene no fueron las que más cantidad de lóculos presentaron.

El peso y las dimensiones del pirene analizadas indican que PECO04 y PECO06 presentaron los pirenes más grandes, significativamente diferentes de COCA03, CRIO06 y SAJO01 que presentaron los pirenes más pequeños (Tabla 3 y 4). Según SOARES (2013), en *Butia spp.*, pirenes pequeños y ligeros no son indicativos de semillas pequeñas, ya que pirenes pequeños pueden presentar una única semilla que ocupa un mayor espacio en el interior del endocarpio. Así, en especies con endocarpio pluriseminados, pirenes más grandes conllevan a una mayor probabilidad de germinar.

Las características morfométricas de los pirenes fueron similares a especies congéneres como *B. yatay* (SOARES, 2013) y *B. capitata* (FRUGERI *et al.*, 2023) y *B. purpurascens* (ROCHA *et al.*, 2022). Las diferencias en las medidas morfométricas de estos estudios subrayan la importancia de considerar la diversidad genética intraespecífica para el desarrollo de estrategias de conservación y manejo.

Tabla 3. Características descriptivas de los pirenes de *B. noblickii* con su correspondiente cantidad de repeticiones a su derecha. CL: Cantidad de lóculos; PL: Largo de pirene (mm); PA: Ancho de pirene (mm); n: número de repeticiones. Medias \pm error estándar con una letra común no son significativamente diferentes según el test de Scott-Knott ($p > 0,05$).

Progenie	CL	n	PL (mm)	n	PA (mm)	n
COCA10	1,03 \pm 0,08 ^c	29	16,35 \pm 0,23 ^m	29	11,39 \pm 0,17 ^f	29
COCA09	1,24 \pm 0,08 ^d	29	22,82 \pm 0,23 ^c	29	12,54 \pm 0,17 ^d	29
COCA08	1,66 \pm 0,08 ^c	29	23,12 \pm 0,23 ^c	29	12,50 \pm 0,17 ^d	29
COCA04	1,40 \pm 0,08 ^d	30	21,28 \pm 0,23 ^e	30	12,26 \pm 0,17 ^d	30
COCA03	1,56 \pm 0,08 ^c	27	14,38 \pm 0,23 ⁿ	27	10,19 \pm 0,17 ^h	27
COCA02	1,21 \pm 0,08 ^d	28	16,09 \pm 0,23 ^m	28	11,92 \pm 0,17 ^e	28
COCA01	1,07 \pm 0,08 ^e	28	20,85 \pm 0,23 ^f	28	12,91 \pm 0,17 ^c	28
CRIO10	1,66 \pm 0,08 ^c	29	23,44 \pm 0,23 ^c	29	12,75 \pm 0,17 ^c	29
CRIO09	1,00 \pm 0,08 ^e	29	24,35 \pm 0,23 ^b	29	13,72 \pm 0,17 ^b	29
CRIO08	1,00 \pm 0,08 ^e	29	21,69 \pm 0,23 ^d	29	12,11 \pm 0,17 ^d	29
CRIO07	1,69 \pm 0,08 ^c	29	21,29 \pm 0,23 ^e	29	12,20 \pm 0,17 ^d	29
CRIO06	1,20 \pm 0,08 ^d	30	17,15 \pm 0,23 ^l	30	10,40 \pm 0,17 ^h	30
CRIO04	1,20 \pm 0,08 ^d	30	18,18 \pm 0,23 ^j	30	11,34 \pm 0,17 ^f	30
CRIO03	1,14 \pm 0,08 ^e	29	15,71 \pm 0,23 ^m	29	10,52 \pm 0,17 ^h	29
CRIO02	1,07 \pm 0,08 ^e	30	21,91 \pm 0,23 ^d	30	12,49 \pm 0,17 ^d	30
CRIO01	1,30 \pm 0,08 ^d	30	20,20 \pm 0,23 ^g	30	10,94 \pm 0,17 ^g	30
PECO10	1,24 \pm 0,08 ^d	29	23,96 \pm 0,23 ^b	29	12,20 \pm 0,17 ^d	29
PECO09	1,67 \pm 0,08 ^c	27	21,06 \pm 0,23 ^e	27	11,91 \pm 0,17 ^e	27
PECO08	1,28 \pm 0,08 ^d	29	18,96 \pm 0,23 ⁱ	29	11,81 \pm 0,17 ^e	29
PECO07	2,29 \pm 0,08 ^a	28	24,67 \pm 0,23 ^a	28	12,71 \pm 0,17 ^b	28
PECO06	1,96 \pm 0,08 ^b	28	24,77 \pm 0,23 ^a	28	15,09 \pm 0,17 ^a	28
PECO05	1,32 \pm 0,08 ^d	28	22,98 \pm 0,23 ^c	28	12,79 \pm 0,17 ^c	28
PECO04	1,37 \pm 0,08 ^d	27	24,18 \pm 0,23 ^b	27	12,74 \pm 0,17 ^c	27
PECO03	1,39 \pm 0,08 ^d	28	21,18 \pm 0,23 ^e	28	11,71 \pm 0,17 ^e	28
PECO02	1,93 \pm 0,08 ^b	29	21,79 \pm 0,23 ^d	29	12,91 \pm 0,17 ^c	29
PECO01	1,00 \pm 0,08 ^e	29	23,37 \pm 0,23 ^c	29	12,06 \pm 0,17 ^d	29
SAJO10	1,21 \pm 0,08 ^d	29	16,32 \pm 0,23 ^m	29	11,01 \pm 0,17 ^g	29
SAJO09	1,00 \pm 0,08 ^e	30	22,96 \pm 0,23 ^c	30	11,91 \pm 0,17 ^e	30
SAJO08	1,76 \pm 0,08 ^c	29	21,98 \pm 0,23 ^d	29	15,36 \pm 0,17 ^a	29
SAJO07	1,10 \pm 0,08 ^e	29	21,09 \pm 0,23 ^e	29	12,44 \pm 0,17 ^d	29
SAJO06	1,10 \pm 0,08 ^e	29	20,12 \pm 0,23 ^g	29	11,70 \pm 0,17 ^e	29
SAJO05	1,45 \pm 0,08 ^d	29	21,79 \pm 0,23 ^d	29	12,42 \pm 0,17 ^d	29
SAJO04	1,00 \pm 0,08 ^e	29	20,00 \pm 0,23 ^g	29	12,10 \pm 0,17 ^d	29
SAJO03	1,07 \pm 0,08 ^e	27	18,34 \pm 0,23 ^j	27	11,07 \pm 0,17 ^g	27
SAJO02	1,52 \pm 0,08 ^c	27	18,94 \pm 0,23 ⁱ	27	12,34 \pm 0,17 ^d	27
SAJO01	1,29 \pm 0,08 ^d	28	16,82 \pm 0,23 ^l	28	10,63 \pm 0,17 ^h	28
SANT10	1,28 \pm 0,08 ^d	29	17,22 \pm 0,23 ^l	29	11,64 \pm 0,17 ^e	29
SANT09	1,24 \pm 0,08 ^d	29	16,43 \pm 0,23 ^m	29	10,48 \pm 0,17 ^h	29
SANT08	1,37 \pm 0,08 ^d	30	16,99 \pm 0,23 ^l	30	10,71 \pm 0,17 ^h	30
SANT07	1,59 \pm 0,08 ^c	29	20,50 \pm 0,23 ^f	29	13,40 \pm 0,17 ^b	29
SANT06	1,03 \pm 0,08 ^e	29	18,91 \pm 0,23 ⁱ	29	10,70 \pm 0,17 ^h	29
SANT05	1,19 \pm 0,08 ^d	27	17,49 \pm 0,23 ^k	27	10,83 \pm 0,17 ^g	27
SANT04	1,86 \pm 0,08 ^c	28	18,99 \pm 0,23 ⁱ	28	12,11 \pm 0,17 ^d	28
SANT03	1,19 \pm 0,08 ^d	27	19,27 \pm 0,23 ^h	27	11,44 \pm 0,17 ^f	27
SANT02	1,25 \pm 0,08 ^d	28	22,54 \pm 0,23 ^c	28	11,95 \pm 0,17 ^e	28
SANT01	1,66 \pm 0,08 ^c	29	21,33 \pm 0,23 ^e	29	11,64 \pm 0,17 ^e	29
TRES10	1,07 \pm 0,08 ^e	29	19,33 \pm 0,23 ^h	29	10,63 \pm 0,17 ^h	29
TRES09	1,66 \pm 0,08 ^c	29	17,36 \pm 0,23 ^k	29	11,84 \pm 0,17 ^e	29
TRES08	1,28 \pm 0,08 ^d	29	19,84 \pm 0,23 ^h	29	11,85 \pm 0,17 ^e	29
TRES07	2,35 \pm 0,08 ^a	29	19,52 \pm 0,23 ^h	29	12,38 \pm 0,17 ^d	29
TRES06	1,28 \pm 0,08 ^d	29	19,05 \pm 0,23 ⁱ	29	12,30 \pm 0,17 ^d	29
TRES05	1,69 \pm 0,08 ^c	29	17,83 \pm 0,23 ^k	29	11,36 \pm 0,17 ^f	29
TRES04	1,03 \pm 0,08 ^e	29	18,86 \pm 0,23 ^l	29	10,56 \pm 0,17 ^h	29
TRES03	1,45 \pm 0,08 ^d	29	21,45 \pm 0,23 ^e	29	12,38 \pm 0,17 ^d	29
TRES02	1,30 \pm 0,08 ^d	30	17,03 \pm 0,23 ^l	39	11,05 \pm 0,17 ^g	39
TRES01	1,19 \pm 0,08 ^d	27	17,54 \pm 0,23 ^k	27	11,44 \pm 0,17 ^f	27
<i>p</i> -valor	<0,0001		<0,0001		<0,0001	

Las semillas más largas (mayores a 13,45 mm) se observaron en las progenies PECO10, CRIO10 y SAJO09, mientras que en CRIO06, SAJO05 y SAJO01 se hallaron las semillas más

cortas (menores a 10,8 mm). SAJO04, SAJO07 y SAJO02 presentaron las semillas más anchas (mayores 8,4 mm), a su vez las semillas más angostas (menores a 7,1 mm) se registraron en CRIO07, SAJO05, CRIO06 y PECO10. Por su parte, las semillas más pesadas (más de 0,5 g) se encontraron en SAJO04, siendo un valor significativamente alto en comparación a las otras progenies estudiadas, mientras que SAJO01, SAJO05, CRIO07 y CRIO06 presentaron las semillas más livianas (menos de 0,24 g). Los trabajos de FRUGERI *et al.*, (2023) y de PEDRON *et al.* (2004) documentan resultados similares en semillas de *B. capitata*, siendo estas levemente más largas y angostas.

Tabla 4. Características descriptivas de los pirenes y semillas de *B. noblickii* con su correspondiente cantidad de repeticiones a su derecha. PP: Peso de pirene (g); SL: Largo de semilla (mm); SA: Ancho de semilla (mm); SP: Peso de semilla (g); n: número de repeticiones. Medias \pm error estándar con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0,05$).

Progenie	PP (g)	n	SL (mm)	n	SA (mm)	n	SP (g)	n
CRIO06	0,96 \pm 0,05 ^f	23	10,74 \pm 0,17 ^e	27	6,56 \pm 0,17 ^d	27	0,19 \pm 0,01 ^e	27
CRIO07	1,51 \pm 0,05 ^d	28	12,77 \pm 0,14 ^c	44	7,00 \pm 0,13 ^c	44	0,22 \pm 0,01 ^e	44
CRIO10	1,89 \pm 0,05 ^b	29	13,59 \pm 0,13 ^b	46	7,35 \pm 0,13 ^c	46	0,27 \pm 0,01 ^d	46
PECO04	2,17 \pm 0,07 ^a	15	13,35 \pm 0,20 ^b	20	7,15 \pm 0,19 ^c	20	0,32 \pm 0,01 ^c	20
PECO10	1,67 \pm 0,06 ^c	20	14,25 \pm 0,18 ^a	24	6,25 \pm 0,18 ^d	24	0,31 \pm 0,01 ^c	24
SAJO01	1,10 \pm 0,05 ^f	21	9,96 \pm 0,18 ^f	26	7,15 \pm 0,17 ^c	26	0,23 \pm 0,01 ^e	26
SAJO02	1,31 \pm 0,07 ^e	12	12,33 \pm 0,26 ^c	12	8,42 \pm 0,25 ^a	12	0,37 \pm 0,02 ^b	12
SAJO04	1,43 \pm 0,05 ^e	27	12,41 \pm 0,17 ^c	27	9,00 \pm 0,17 ^a	27	0,51 \pm 0,01 ^a	27
SAJO05	1,51 \pm 0,06 ^d	16	10,58 \pm 0,21 ^e	19	6,58 \pm 0,20 ^d	19	0,22 \pm 0,01 ^e	19
SAJO06	1,29 \pm 0,05 ^e	23	11,61 \pm 0,19 ^d	23	7,83 \pm 0,18 ^b	23	0,32 \pm 0,01 ^c	23
SAJO07	1,63 \pm 0,05 ^c	29	11,71 \pm 0,15 ^d	34	8,53 \pm 0,15 ^a	34	0,34 \pm 0,01 ^c	34
SAJO09	1,69 \pm 0,05 ^c	24	13,48 \pm 0,18 ^b	25	8,12 \pm 0,17 ^b	25	0,39 \pm 0,01 ^b	25
<i>p-valor</i>	<0,0001		<0,0001		<0,0001		<0,0001	

El peso y las dimensiones de la semilla analizadas indican que SAJO04 presentó las semillas más grandes, significativamente diferentes de CRIO06, SAJO05, SAJO01 y CRIO07 que presentaron las semillas más pequeñas (Tabla 4). SOARES (2013) sugiere que semillas más pesadas, es decir con mayor cantidad de reservas nutritivas, generan plántulas con un mejor desenvolvimiento y establecimiento, produciendo plantas más vigorosas que logran una mayor sobrevivencia en el tiempo en condiciones ambientales desfavorables, gracias a esta mayor cantidad de reservas.

Conforme a CALDAS MENDES *et al.* (2019), la variabilidad entre los genotipos puede atribuirse a la naturaleza cuantitativa y poligénica de los datos, la cual está controlada por muchos genes. Esta variabilidad es importante en la conservación genética *ex situ* porque ayuda a mantener la diversidad genética y reduce la mortalidad causada por la endogamia.

6.2. Parámetros genéticos.

Los resultados de los parámetros genéticos se presentan en la Tabla 5 para todas las características analizadas. Los valores de varianza genotípica (σ_G^2) fueron cercanos a los valores de fenotípica (σ_F^2) para todas las variables. La varianza fenotípica presentó valores desde 6,8636 (largo del pirene) a 0,0084 (ancho de semilla), mientras que los valores de varianza genética se encontraron en el rango de 6,8121 (largo del pirene) a 0,0081 (ancho de semilla). Por su parte, la varianza ambiental media presentó valores entre 0,0505 (largo del pirene) y 0,0003 (largo de semilla y ancho de semilla).

Tabla 5. Parámetros genéticos estimados para características descriptivas de pirenes y semillas de *B. noblickii*. σ_G^2 : Varianza genética; σ_A^2 : Varianza ambiental media; σ_F^2 : Varianza fenotípica; $CV_G\%$: Coeficiente de variación genotípica; $CV_F\%$: Coeficiente de variación fenotípica; $CV_A\%$: Coeficiente de variación ambiental; CV_r : Coeficiente de variación relativa; H^2 : Heredabilidad en sentido amplio. PL: Largo de pirene (mm); PA: Ancho de pirene (mm); PP: Peso de pirene (g); SL: Largo de semilla (mm); SA: Ancho de semilla (mm); SP: Peso de semilla (g); CL: Cantidad de lóculos.

Característica	Media	σ_G^2	σ_A^2	σ_F^2	$CV_G\%$	$CV_F\%$	$CV_A\%$	CV_r	H^2
PL (mm)	20,04	6,8121	0,0505	6,8626	13,02	13,07	1,12	11,61	99,26%
PA (mm)	11,95	1,0816	0,0295	1,1111	8,70	8,82	1,44	6,06	97,35%
PP (g)	1,51	0,1089	0,0028	0,1117	21,79	22,07	3,50	6,23	97,49%
SL (mm)	12,33	0,0169	0,0003	0,0172	10,55	10,64	1,40	7,54	98,27%
SA (mm)	7,47	0,0081	0,0003	0,0084	12,04	12,26	2,31	5,22	96,46%
SP (g)	0,30	0,8100	0,0092	0,8192	300,89	302,59	32,02	9,40	98,88%
CL	1,36	0,0900	0,0067	0,0967	22,00	22,81	6,02	3,65	93,03%

Por su parte, el coeficiente de variación fenotípica ($CV_F\%$) fue mayor que el coeficiente de variación genotípica ($CV_G\%$). Los valores más altos de $CV_F\%$ y $CV_G\%$ se registraron en el peso de las semillas (302,59% y 300,89%), mientras que los valores más bajos se registraron en el ancho del pirene (8,82% y 8,70%). Por su parte, los valores más altos de $CV_A\%$ se registraron en la característica peso de las semillas (32,02%) y los valores más bajos en el largo del pirene (1,12%). Los bajos valores de $CV_A\%$ para las características analizadas indican una buena calidad experimental (SILVA SOUSA, 2022). En todas las características analizadas hubo una estrecha diferencia entre $CV_F\%$ y $CV_G\%$, lo que acorde DARKWAH *et al.* (2020) implica mayor influencia genética sobre la influencia ambiental, lo que condice con los valores de $CV_A\%$. Según DARKWAH *et al.* (2020) valores de $CV_F\%$ y $CV_G\%$ menores a 10% fueron bajos, entre 10% y 20% fueron moderados mientras que aquellos mayores al 20% fueron considerados altos. En este estudio se encontraron valores moderados y altos de $CV_F\%$ y $CV_G\%$. Altos $CV_G\%$ indican variación suficiente disponible para mejoramiento mediante selección.

A su vez, el mayor valor de coeficiente de variación relativa (CVr) se observó en el largo del pirene (11,61) y el menor valor en la cantidad de lóculos (3,65). Acorde con SILVA SOUSA (2022) y CALDAS MENDES *et al.* (2019) valores de CVr mayores a uno indican ganancias en la selección y que el ambiente tiene un bajo impacto en las características medidas, esto último coincidiendo con los CV_A% observados en nuestro trabajo. La heredabilidad en sentido amplio (H²) fue alta en todas las características y variaron de 99,26% (largo de pirene) a 93,03% (cantidad de lóculos). DARKWAH *et al.* (2020) consideró altas a estimaciones de heredabilidad mayores a 50%. Estas heredabilidades son más altas que las que registró TUPAZ-VERA *et al.* (2023) en su análisis de características morfo-agronómicas de *Elaeis guineensis*. Esta alta heredabilidad sugiere que las características morfométricas son principalmente controladas por factores genéticos, lo que es crucial para la selección, mejoramiento genético y conservación. Nuestros resultados difieren a los de CALDAS MENDES *et al.* (2019) quienes analizaron parámetros genéticos de características de los frutos de *Oenocarpus distichus*, siendo en nuestro caso los CV_G%, CVr, H² mayores y los valores de CV_A% menores. Los valores de CVr mayores a 1 y los altos valores de H² indican la variabilidad y control genético de las características de pirenes y semillas, permitiendo la selección y recombinación de los genotipos de *B. noblickii* más prometedores (SILVA SOUSA, 2022), posibilitando incluso la selección fenotípica directa (ALQAHTANI *et al.*, 2023). Estos valores pueden ser considerados en programas de mejora y de conservación de esta palmera.

7. CONCLUSIONES

El presente trabajo demuestra que la divergencia genética de poblaciones naturales de *B. noblickii* puede ser cuantificada a partir de variables morfométricas de pirenes y semillas.

Las progenies evaluadas mostraron una alta variabilidad genética y fenotípica en las características morfológicas estudiadas, lo que indica un gran potencial para la conservación y mejoramiento de la especie. Los coeficientes de variación genética (CV_G%) moderados a altos sugieren que existe variabilidad en el germoplasma que puede ser aprovechada mediante la selección. Estos hallazgos proporcionan información valiosa para la implementación de estrategias de conservación y aprovechamiento sostenible de *B. noblickii*, valorando y preservando su diversidad genética.

8. RECOMENDACIONES

Estudios posteriores deberían enfocarse en realizar análisis de componentes principales para conocer con mayor precisión la estructura poblacional de las poblaciones silvestres de *B. noblickii*. A su vez, se podrían realizar estudios de otras características morfológicas importantes relacionadas a la producción, como tamaño del fruto, número de racimos por planta, presencia de fibras en la pulpa, sabor del fruto y color del fruto maduro. Además, considerar trabajar con marcadores moleculares como SSR (*simple sequence repeats*) y SNP (*single nucleotide polymorphism*). También sería importante realizar estudios ecológicos de la especie, tales como la investigación de la biología reproductiva, para comprender mejor los mecanismos de polinización y dispersión de semillas.

9. AGRADECIMIENTOS

Quiero expresar mi profundo agradecimiento a mi mamá, Susana, por su amor inmenso y apoyo incondicional. Su constante compañía y motivación fueron fundamentales para que pudiera superar estos años con éxito y confianza.

A mi orientadora, Patricia Rocha, y a mi co-orientadora, Peggy Thalmayr, por su dedicación, guía y apoyo durante este trabajo. Sus enseñanzas y acompañamiento me brindaron aprendizajes invaluable tanto a nivel personal como profesional.

A mis amigas y amigos, quienes me sostuvieron e impulsaron a alcanzar mis metas: gracias por su inquebrantable apoyo y aliento constante. Mi gratitud hacia ustedes va más allá de las palabras. A mis compañeras y compañeros, que compartieron conmigo los momentos de aprendizaje, haciendo que la experiencia universitaria fuera más enriquecedora.

A los integrantes del equipo de trabajo del proyecto 16/F1142-IDP, especialmente al especializado Gustavo Aparicio, de la Fundación Hábitat y Desarrollo, quien propuso trabajar con esta especie, identificó las poblaciones, cosechó y procesó los frutos. Sin su trabajo y esfuerzo, este estudio no hubiera sido posible.

A LAPROVECO por brindarme un valioso espacio de formación que ha sido fundamental para mi desarrollo académico y profesional. Un agradecimiento especial a Fernando Niella y a Karina Bustamante, por sus valiosas enseñanzas y apoyo en el laboratorio.

A las becas EICyT UNaM y CIN por financiar este proyecto.

Estoy inmensamente agradecida con la Facultad de Ciencias Forestales de la Universidad Nacional de Misiones y con cada una de las personas que forman parte de esta institución. Su presencia en nuestra provincia, ofreciendo una educación gratuita y de calidad, es invaluable. Me

siento dichosa de haber tenido la oportunidad de formarme como Ingeniera Agrónoma en esta casa de estudios, que me abrió innumerables puertas para crecer tanto personal como profesionalmente y desempeñó un rol esencial en la persona que soy hoy.

10. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ACOSTA, F.; Gimenez, L.; Richieri, C.; Calvi, M. 2009. Zonas AgroEconómicas Homogéneas Corrientes. Descripción ambiental, socioeconómica y productiva. *Publicación Técnica* 1(8): 1-75.
- ACQUAAH, G. 2012. Principles of Plant Genetics and Breeding. (2da ed.). Wiley-Blackwell. Chichester. 740 pp.
- ASARE, P. A.; Galyuon, I. K. A.; Sarfo, J. K.; Tetteh, J. P. 2011. Morphological and molecular based diversity studies of some cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm in Ghana. *African Journal of Biotechnology*. 10(63): 13900-13908.
- ALQAHTANI, M. M.; Saleh, M. M.; Alwutayd, K. M.; Safhi, F. A.; Okasha, S. A.; Abdelsatar, M. A.; Ali, M. S. M.; Saif, M. I.; Ibrahim, A. A.; Salem, K. F. M. 2023. Performance and genotypic variability in diverse date palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars for fruit characteristics. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 71: 1759–1772.
- CALDAS MENDES, G. G.; Abreu de Gusmão, M. T.; Vaz Martins, T. G.; Silva Rosado, R. D.; Alencar Sobrinho, R. S.; Pires Nunes, A. C.; Souto Ribeiro, W.; Zanuncio, J. C. 2019. Genetic divergence of native palms of *Oenocarpus distichus* considering biometric fruit variables. *Scientific Reports*, 9(1): 1 – 9.
- CALLAO ESCALADA, S.; Araujo, J. J.; Suárez, M. E.; García, D. S.; Insaurralde, J. A.; Keller, H. A.; Hilgert, N. I. 2023. ETNOBOTÁNICA DE LAS PALMERAS ARGENTINAS: una revisión y actualización. En: SANDER, N. L.; Pulido Silva, M. T.; da Silva, C. J. (Eds.), *USOS DE LAS PALMAS EN LATINOAMÉRICA*. (1era ed., pp. 23 - 46). Editora CRV / SBEE. Curitiba / Porto Alegre – Brasil.
- CARMO, R. M.; FRANCESCHINELLI, E. V. 2002. Polinização e biologia floral de *Clusia arrudae*. *Revista Brasileira de Botânica*, 25(3): 351-360.
- CRUZ, E. D.; Medeiros Ferreira, F.; Pessoni, L. A. 2020. *BIOMETRIA APLICADA AO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA*. 2da ed. FAPEMIG-UFV. Brasil. 614 pp.
- DARKWAH, D. O.; Blay, E.; Amoatey, H.; Sapey, E.; Bakoumé, C.; Agyei-Dwarko, D. 2020. Genetic diversity and selection within natural dura oil palm accessions collected in Ghana for oil palm productivity improvement. *Biodiversitas*, 21(8): 3534-3538.

- DE SOUSA, A. M.; Padilha de Oliveira, M. S; Farias Neto, J. T. 2017. Genetic divergence among white-type acai palm accessions based on morpho-agronomic characters. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 52(9): 751-760.
- DEBLE, L. P.; Marchiori, J. N.; Da Silva Alves, F.; De Olivera Deble, A. 2012. O tipo de *Butia yatay* (Mart.) Becc. e descrição de uma espécie nova do gênero. *Balduinia*, 35: 01-18.
- DI RIENZO J.A., Casanoves F., Balzarini M. G.; González L., Tablada M.; Robledo C.W. 2014. *Manual de Usuario de InfoStat*. [s.n.]. Argentina. 336 pp.
- DOMICIANO, G. P.; Alves, A. A.; Laviola, B. G.; Schwartzhaupt da Conceição, L. D. 2015. Parâmetros genéticos e diversidade em progênies de Macaúba com base em características morfológicas e fisiológicas. *Ciência Rural* 45(9):1599-1605.
- FALCONER, D. S.; Mackay, T. F. C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. (3ra ed.). Pearson Education India. England. 448 pp.
- FENNER, M.; Thompson, K. 2005. *The Ecology of Seeds*. (1er ed). Cambridge University Press. New York, USA. 250 pp.
- FERRARI, M. F.; Carvalho, I. R.; de Pelegrin, A. J.; Szarecki, V. J.; Nardino, M.; Corazza da Rosa, T.; Löbler dos Santos, N.; da Silva Martins, T.; Queiróz de Souza, V.; Costa de Oliveira, A.; da Maia, C. 2022. Heritability estimates and genetic distance of s1 progenies from landrace maize populations. *Communication in Plant Sciences*, 12: 7-15.
- FORSMAN, A.; Wennersten, L. 2015. Inter-individual variation promotes ecological success of populations and species: evidence from experimental and comparative studies. *Ecography*. 38: 001–019.
- FOSTER HUENNEKE, L. 1991. Ecological implications of genetic variation in plant populations. En: FALK, D. A. I.; Holsinger, K. E. (Eds.), *Genetics and conservation of rare plants*. (online ed., 31- 44 pp.) Oxford: Oxford University Press. New York, NY, USA. Extraído el 30 de marzo de 2024.
- FRUGERI, G. C.; Nogueira, G. F.; Souza, A. L. X. d.; Scherwinski-Pereira, J. E. 2023. Ex Situ Conservation Strategies for *Butia capitata* [Mart. (Becc.) *Arecaceae*], a Threatened Palm Tree from Brazilian Savannah Biome, through Zygotic Embryo Cryopreservation. *International Journey of Plant Biology*, 14: 612–624.
- HALLAUER, A. R.; Carena, M. J.; Miranda Filho, J. B. 2010. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. (3ra ed. Vol. 6). Springer New York, NY. 664 pp.
- HICKMANN, C.; Foletto Eltz, F.; Cassol, E.; Cogo, C. 2008. Erosividade das chuvas em Uruguaiana, RS, determinada pelo índice EI₃₀, com base no período de 1963 a 1991. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*. 32(2): 825-831.

- HILGERT, N. I.; Pochettino, M. L.; Hernández Bermejo, J. E. 2020. *Palmeras NUS al Sur de la América Austral*. 1er ed. Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo. 221 pp.
- IDRIS, A. E.; Justin, F. J.; Dagash, Y. M. I.; Abuali, A. I. 2012. Genetic Variability and Inter Relationship between Yield and Yield Components in Some Rice Genotypes. *American Journal of Experimental Agriculture*. 2(2): 233-239.
- IUCN. 2010. *Guidelines for Using the IUCN Red List Categories and Criteria*. Version 2010. 8.1.
- JOHNSON, D. V. (2011). *Non-Wood Forest Products: Tropical palms*. (2da ed.). FAO. Roma. 241 pp.
- LANDE, R. 1999. Extinction Risks from Anthropogenic, Ecological, and Genetic Factors. En: LANDWEBER, L. F.; Dobson, A. P. (Eds.), *Genetics and the Extinction of Species: DNA and the conservation of biodiversity*. (1era ed., pp. 1- 22). Princeton University Press. Chichester, West Sussex.
- LEVITUS, G.; Echenique, V.; Rubinstein, C.; Hopp, E.; Mroginski, L. 2010. *Biotecnología y Mejoramiento Vegetal*. (2da ed.). ArgenBio-INTA.
- MACDONALD, D. W. 2023. *Biodiversity Conservation: A Very Short Introduction* (Vol. 738). Oxford University Press. 198 Madison Avenue, New York, NY 10016, Estados Unidos. 212 pp.
- MARECO GARCÍA, E. G. 2019. *Dissimilaridade gênica e contaminação fungíca de sementes de butiazeiros da Região Missioneira*. Tese de grau de bacharel. Universidade Federal da Fronteira Sul. Cerro Largo, Brasil.
- SILVA SOUSA, P. N. 2022. *Diversidade morfoagronômica e ganhos de seleção em Butia capitata por abordagem multivariada e modelos mistos*. Tese de doutorado. Universidade Federal de Minas Gerais. Montes Claros, Brasil.
- MOURA, R.C.; Lopes, P. S. N.; Brandão Junior, D. S.; Gomes, J. G.; Pereira, M. B. 2010. Biometria de frutos e sementes de *Butia capitata* (Mart.) Beccari (*Arecaceae*), em vegetação natural no Norte de Minas Gerais, Brasil. *Biota Neotrop.*, 10(2): 415-419.
- NIELLA, F. O.; Rocha, S. P.; Tuzinkievicz, A. M.; Buchweis, R.; Bulman Hartkopf, C. Thalmayr, P. N.; González, J.; Montagnini, F.; Sharry, S. 2022. Contribution to the Domestication and Conservation of the Genetic Diversity of Two Native Multipurpose Species in the Yabotí Biosphere Reserve, Misiones, Argentina. En: MONTAGNINI, F. (Eds), *Biodiversity Islands: Strategies for Conservation in Human-Dominated Environments*. Topics in Biodiversity and Conservation, vol. 20. Springer, Cham. 461–483 pp.
- NOBLICK, L. R. 2014. *Butia*: What we think we know about the genus. *Journal of Oil Palm Research*, 208: 5-23.

- OLIVEIRA, N. C. C.; Lopes, P. S. N.; Ribeiro, L. M.; Mercandante-Simoes, M. O.; Oliveira, L. A. A.; Silvério, F. O. 2013. Seed structure, germination, and reserve mobilization in *Butia capitata* (Arecaceae). *Trees*, 27: 1633–1645.
- OYARZABAL, M.; Clavijo, J.; Oakley, L.; Biganzoli, F.; Tognetti, P.; Barberish, I.; Maturo, H. M.; Aragón, R.; Campanello, P. I.; Prado, D.; Oesterheld, M.; León, R. J. C. (2018). Unidades de vegetación de la Argentina. *Ecología Austral*, 28(1): 40-63.
- PADULOSI, S.; Thompson J.; Rudebjer P. 2013. *Fighting poverty, hunger and malnutrition with neglected and underutilized species (NUS): needs, challenges and the way forward*. Bioversity International, Rome. 56 pp.
- PEDRON, F. d. A.; Pacheco Menezes, J.; Menezes, N. L. 2004. Parâmetros biométricos de fruto, endocarpo e semente de butiazeiro. *Ciência Rural*, 34(2): 585-586.
- PLANEAR.2015. *Plantas Endémicas de Argentina*. Extraído el 20 de enero de 2024, de: [PlanEAR - Ficha de la especie \(uns.edu.ar\)](https://planear.uns.edu.ar)
- RESENDE, M. D. V. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 16: 330-339.
- RESENDE, M. D. V. 2007. *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. (1era ed.). Embrapa Florestas. Colombo, PR, Brasil. 362 pp.
- ROCHA, J. D. L.; Guimarães Guilherme, F. A.; Rocha, D. I.; Pereira, K. d. A. R.; Peres Coelho, C.; de Souza, L. F. 2022. Morphometry of fruits and pyrenes in two morphotypes and populations of *Butia purpurascens* Glassman (Arecaceae). *Ciência Rural*, 52(8): 1 – 7.
- SHAFIQUE, M. S.; Ahsan, M.; Abdullah, M.; Shakoor, A.; Ahmad, M. I. 2016. Genetic variability and interrelationship of various agronomic traits using correlation and path analysis in Chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Academia Journal of Agricultural Research* 4(2): 082-085.
- SILVA SOUSA, P. N. 2022. *Diversidade morfoagronômica e ganhos de seleção em Butia capitata por abordagem multivariada e modelos mistos*. Tese de doutorado. Universidade Federal de Minas Gerais. Montes Claros, Brasil.
- SOARES, K. P. 2015. Le genre *Butia*. *Princeps*, 1: 12-57.
- SOARES, K. P. 2013. O gênero *Butia* (Becc.) Becc. (Arecaceae) no Rio Grande do Sul com ênfase nos aspectos ecológicos e silviculturais de *Butia yatay* (Mart.) E *Butia witeckii*. M. Sc. Tesis, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria. 134 pp.
- TOMLINSON, P.B. 1990. *The structural biology of palms*. Clarendon Press, Oxford. 477 pp.
- TONIETTO, A.; Schlindwein, G.; Stoffel Efrom, C. F. 2021. Contribution about the occurrence of *Pachymerus bridwelli* (Pretvet) (Coleoptera: Chrysomelidae) in diaspores of pindo palm (*Butia odorata*) (Barb.Rodr.) Noblick & Lorenzi. *Rev. Ceres*, 68(2):149-154.

- TUPAZ-VERA, A.; Ayala Diaz, I.; Barrera, C. F.; Romero, H. M. 2023. Genetic gains for obtaining improved progenies of oil palm in Colombia. *Euphytica*, 219(38): 1-12.
- VELAZCO, S. J. E.; Insaurralde, J. A. 2020. *Butia*, un género endémico de Sudamérica. En: HILGERT, N. I.; Pochettino, M. L.; Hernández Bermejo, J. E. (Eds), *Palmeras NUS al Sur de la América Austral*. (1er ed., pp. 117-122). Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo.
- ZULOAGA, F. O.; Belgrano, M. J.; Zanotti, C. A. 2019. Actualización del catálogo de las plantas vasculares del Cono Sur. *Darwiniana, nueva serie*, 7(2): 208-278.

**Formulario de autorización de depósito de tesis/trabajo integrador final en la
 Comunidad Ciencias Agrarias del RIDUNaM
 (Repositorio Institucional Digital de la UNaM)**

Por intermedio de la presente, el abajo firmante, AUTOR del trabajo integrador final (grado) titulado “Estudios de parámetros genéticos a partir de mediciones morfométricas de pirenes y semillas de *Butia noblickii* Deble, Marchiori, F.S. Alves & A.S. Oliveira, una palmera endémica amenazada de la región centro sur de Corrientes, Argentina” da FE de la autoría y originalidad de la obra mencionada, que fue dirigido por Mgter. ROCHA Sandra Patricia e Ing. Ftal. THALMAYR Peggy, presentada y defendida en la Facultad de Ciencias Forestales de la Universidad Nacional de Misiones (FCF-UNaM), el 13/09/2024. Acta N° 178698, con el fin de obtener el título de **Ingeniera Agrónomo**.

Tildar según corresponda

- Tesis de Posgrado
 Doctorado Maestría Trabajo Final Integrador
 Tesis de Grado

Derechos patrimoniales

Como autor, expreso mi conformidad en cuanto a la cesión gratuita de los derechos de reproducción y circulación de esta obra, en forma **NO EXCLUSIVA**, a la Facultad de Ciencias Forestales-UNaM. Dicha reproducción y circulación se podrá realizar, una o varias veces, en cualquier soporte, para todo el mundo, con fines sociales, educativos y científicos.





En virtud del carácter no exclusivo de esta cesión, el autor podrá reproducir y comunicar libremente la tesis o trabajo final integrador, a través de los medios que estime oportunos.

Condiciones de acceso en línea

- Autorizo el depósito de la tesis o trabajo final integrador en forma inmediata
 Autorizo el depósito del documento con embargo por el plazo de _____ meses a partir de la defensa de la misma.

Condiciones de uso de la tesis/TFI

Será puesta a disposición pública bajo las siguientes condiciones de uso:

	(BY) Atribución — Debe reconocer los créditos de la obra de la manera especificada por el autor o el licenciante (pero no de una manera que sugiera que tiene su apoyo o que apoyan el uso que hace de su obra).
	(NC) No Comercial — No puede utilizar esta obra para fines comerciales.
	(SA) Permite trabajos derivados — Siempre que se mantenga la misma licencia.
	Reconocimiento – NoComercial – CompartirIgual (by-nc-sa): No se permite un uso comercial de la obra original ni de las posibles obras derivadas, la distribución de las cuales se debe hacer con una licencia igual a la que regula la obra original.

Referencias

- CC (Licencias Creative Commons).
 BY (Atribución).
 NC (No comercial).
 SA (Compartir igual).

Datos personales (llenar un cuadro por cada autor)

Apellido y nombre	QUESNEL KIEFL, Sol Anahí
Teléfono/Celular	+54 9 3751 55-7012
Correo electrónico	sol.kiefl@gmail.com

Se firma la presente en la Ciudad de Eldorado, Misiones a los 13 días del mes de septiembre de 2024.


Firma

DNI 4.1510.419
Tipo y N° Documento

Sol Anahí Quesnel Kiefl
Aclaración