

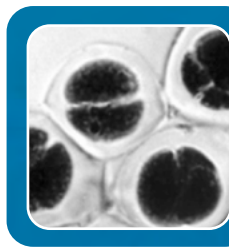


**BAG**  
Journal of  
Basic & Applied Genetics

---

## COMUNICACIONES LIBRES

---



CV

# CITOGENÉTICA VEGETAL



## CV 1

### ESTUDIOS MEIÓTICOS EN TRES ESPECIES DE *Begonia* DEL NOROESTE ARGENTINO

Andrada AR, ME Lozzia. Instituto de Genética. Fundación Miguel Lillo. Miguel Lillo 251. CP (4000). Tucumán, Argentina. e-mail: rubenan03@yahoo.com.ar

Entre las Angiospermas, *Begonia* es uno de los géneros con mayor diversidad de taxones. Consta con aproximadamente 1550 especies, distribuidas en regiones tropicales y subtropicales, con la mayor diversidad en América y Asia. Son económicamente importantes como plantas ornamentales, y también se les otorga propiedades antitumorales y antibióticas. Los recuentos mitóticos en *Begonia* establecieron  $x=14$  como número básico y existen escasos análisis de la microesporogénesis. En este trabajo se realizaron estudios meióticos en poblaciones naturales de *Begonia boliviensis* var. *boliviensis*, *B. micranthera* var. *micranthera* y *B. cucullata* var. *arenosicola*. La fijación, hidrólisis y coloración se realizaron mediante las técnicas convencionales. Los estudios revelaron  $n=14$ II para *Begonia boliviensis* var. *boliviensis* y *B. micranthera* var. *micranthera*, sin embargo *B. cucullata* var. *Arenosicola* presentó  $n=18$ II. En todas las especies se observaron irregularidades como cromosomas adelantados o fuera de placa; también se observaron citomixis en *B. boliviensis*. *Begonia boliviensis* var. *boliviensis* y *B. micranthera* var. *micranthera* son diploides, los números gaméticos que exhiben se corresponden con los recuentos mitóticos de  $2n=28$  citados por otros autores, mientras que el  $n=18$ II encontrado en *B. cucullata* var. *arenosicola* no concuerda con el número  $2n=34$  cromosomas mencionado en la bibliografía. Esta última especie pertenece a la sección *Begonia* sect. *Begonia* en donde se registraron numerosas series aneuploides, lo cual podría explicar la variación respecto del número gamético observado.

## CV 2

### ANDROESTERILIDAD Y ANORMALIDADES MEIÓTICAS EN LA ESPECIE TAXONÓMICA SILVESTRE DE PAPA *Solanum okadae*

Bottini MC, EL Camadro. EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP y CONICET, C.C. 276, 7620 Balcarce, Buenos Aires. e-mail: michayhue@yahoo.com

Según la taxonomía actual, *Solanum okadae* Hawkes & Hjerting es una especie silvestre

de papa ( $2n=2x=24$ ), endémica de Argentina y Bolivia, de valor potencial para el mejoramiento genético. Previamente, se informó la producción de polen de tamaño heterogéneo, androesterilidad y anormalidades meióticas subyacentes en una introducción provista por el banco de germoplasma del INTA Balcarce. Para cuantificar dichos fenómenos, se analizaron muestras de polen de 4 introducciones y meiosis en 3 de ellas (2-5 genotipos/introducción;  $\geq 150$  granos de polen/genotipo y 1181 meiocitos, respectivamente). Se observó, según tamaño: a) polen  $n$  (promedio sobre introducciones ( $x$ )= 54,1% y rango de 0,5-76,1% en plantas individuales), polen  $<n$  ( $x$ = 11,9%; 0-19,6%), polen  $>n$   $<2n$  ( $x$ = 13,2%; 0-20,1%), polen  $2n$  ( $x$ = 12,6%; 0-20,3%) y polen  $>2n$  ( $x$ = 8,2%; 0-19,5%), b) por tinción con carmín acético, polenviable ( $x$ = 20,4%; 0,5-98,0%) e inviable ( $x$ = 79,6%, con citoplasma arrugado/ausente y varias formas de esterilidad), c) en meiosis, cromosomas fuera de placa en Metafase II y Anafase II (1-5) y fuera de huso en Telofase II (1) y, en estadio de tétrada, tétradas normales (50,4%) y anormales (4,5%), mónadas (14,4%), díadas (6,6%), tríadas (18,2%), péntadas (3,5%) hexas (2,3%) y sólo políadas en una introducción. La variabilidad observada en tamaño del polen y las anormalidades subyacentes dan sustento adicional a la hipótesis de que las poblaciones espontáneas de papas silvestres están en distintos estadios del proceso evolutivo, por lo que el concepto de especie en este grupo debería ser revisado

## CV 3

### ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO COMPARATIVO ENTRE TEOSINTES

González GE, MF Fourastié, L Poggio. Depto. de Ecología Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. e-mail: mamilila@yahoo.com

Se estudió la homología genómica entre especies silvestres de *Zea* (teosintes) analizando el apareamiento meiótico de híbridos artificiales interéspecíficos (F1). Los híbridos que involucraron a *Z. luxurians* como parental, con  $2n=20$ , presentaron desde 10 II (bivalentes heteromorfos) hasta 7II+6I, y hasta 3 puentes con fragmentos en anafase I que revelaron diferencias en inversiones paracéntricas entre las especies progenitoras.



Los híbridos con  $2n=30$ , con *Z. perennis* como uno de los progenitores mostraron 5III+5II+5I como configuración meiótica más frecuente. Los porcentajes de viabilidad polínica y de semillas fueron bajos en todos los híbridos analizados (10-50% y 2-38%, respectivamente). Por Hibridación *in Situ* Genómica (GISH) se evaluó la afinidad, a nivel de ADN mediana y altamente repetido, entre los teosintes. Los resultados revelaron que existen tanto secuencias repetidas divergentes como compartidas entre ellos, aunque no se identificaron genomas ancestrales probablemente debido a la existencia de reestructuraciones intergenómicas. Genes que restringen en apareamiento homeólogo en *Zea* impiden observar los distintos grados de homeología cromosómica entre los parentales de los híbridos. Por el contrario, las relaciones obtenidas por GISH no son afectadas por estos genes. Por lo tanto, el análisis de las relaciones genómicas entre teosintes, reveladas por GISH y aquellas observadas por el análisis del comportamiento meiótico de sus los híbridos, se complementan y aportan información relevante para comprender la organización y diversificación genómica del género.

CV 4

#### DETERMINACIÓN Y ANÁLISIS DEL NÚMERO CROMOSÓMICO DE TRES ESPECIES DEL GÉNERO *Suaeda* (CHENOPODIACEAE).

Mercado-Ruaro P<sup>1</sup>, R Noguéz-Hernández, H Flores-Olvera<sup>1</sup>, CG Palacios-Guerrero<sup>1</sup>, PA Román-Torres<sup>1</sup>, V.Álvarez-Islas<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, México, <sup>2</sup>Colegio de Postgraduados, Universidad Autónoma de Chapingo, México.  
 e-mail: mruaro@ibunam2.ibiologia.unam.mx

El género *Suaeda* Forssk. ex J.F. Gmel. está constituido aproximadamente por 90 especies halófitas que crecen en tierras húmedas salinas y alcalinas y desiertos de todo el mundo y se caracteriza por ser taxonómicamente complicado por el amplio rango de distribución y polimorfismo de sus integrantes; varias especies utilizadas como alimento de ganado en zonas áridas. En México, *S. torreyana* es utilizada en la preparación de un platillo típico. De las 39 especies que se han analizado cromosómicamente, 21 son diploides con número básico de  $x=9$ , el resto presentan algún grado de poliploidía. Existe un reporte previo para *S. torreyana* de  $2n=18$ . Por la amplia variación morfológica que presentan varias especies y carencia de información en poblaciones

mexicanas, el objetivo fue determinar el número cromosómico de 3 especies de *Suaeda* localizadas en México: *Suaeda carballi*, *S. mexicana* y *S. torreyana*. Se utilizaron meristemas radiculares y pretratados con 8-hidroxiquinoleína 0.002 y tinción de Feulgen. Las tres especies analizadas presentaron un  $2n=54$ , nuevo reporte para *S. torreyana* y nueva información para la ciencia en el caso de *S. carballi* y *S. mexicana*. Los cromosomas en las tres especies son muy pequeños con una longitud menor a  $2.5 \mu\text{m}$ , predominando los cromosomas del tipo metacéntrico y un par con satélite. Los diferentes números encontrados en las poblaciones canadienses y mexicanas explican las diferencias morfológicas que en otras especies se han atribuido a la plasticidad fenotípica y estaría reflejando un proceso de especiación atribuible a la poliploidía.

CV 5

#### EVIDENCIAS CITOGENÉTICAS NOVEDOSAS EN *Larnax* (SOLANACEAE)

Deanna R, GE Barboza, C Carrizo García, MA Scaldaferrro. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), Universidad Nacional de Córdoba-CONICET. C.C. 495, 5000, Córdoba, Argentina.  
 e-mail: rociodeanna@gmail.com

*Larnax* Miers (Solanaceae) es un género neotropical de ca. 32 especies, del oeste de Sud América y América Central, desde Costa Rica a Perú, cuyas relaciones infra y supragenéricas no están aún bien definidas. Diversas características citogenéticas han resultado de relevancia para establecer afinidades entre especies en otros géneros de Solanaceae. Hasta el momento no existen evidencias cariotípicas en *Larnax*. Con el fin de obtener el primer registro citogenético para este taxón, se analizó una especie novedosa del sureste de Ecuador, mediante bandeos cromosómicos de fluorescencia y AgNOR. Para ello, se realizó tinción triple fluorescente CDD [cromomicina A<sub>3</sub> (CMA), distamicina A y 4-6-diamidino-2-fenilindol (DAPI)] para la observación de la presencia, tipo y distribución de heterocromatina, bandeo C-DAPI, para el análisis de heterocromatina constitutiva y tinción con nitrato de plata para detectar los organizadores nucleolares. Se obtuvo el número cromosómico de *Larnax* sp. nov. (Orozco et al. 3983),  $2n=24$ , conformado por  $9m + 3sm$ . El patrón de bandeo heterocromático de distribución terminal fue CMA+/DAPIo (neutro) en todos los cromosomas, excepto en el par 9, con bandeo CMA+/DAPI- en la única región organizadora



nucleolar (NOR). Además se observaron bandas intersticiales CMA+/DAPIo y CMAo/DAPI+ en algunos pares cromosómicos, la presencia de heteromorfismo en el cromosoma 11 y bandeo C-DAPI centromérico, pericentromérico y terminal. Esta contribución aporta las primeras evidencias cariotípicas en el género, con particularidades poco frecuentes en la familia.

### ESTUDIOS CITOGENÉTICOS EN POBLACIONES DIPLOIDES DE *Turnera krapovickasii* ARBO (TURNERACEAE)

Lazaroff YA<sup>1,2</sup>, IE Kovalsky<sup>1,2</sup>, A Fernández<sup>1</sup>, VG Solís Neffa<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>IBONE (UNNE-CONICET). CC 209. 3400 Corrientes (Argentina), <sup>2</sup>FACENA (UNNE), <sup>3</sup>FCA (UNNE). e-mail: aninay288@hotmail.com

*Turnera krapovickasii* ( $x=5$ ) posee citotipos diploide y autotetraploide. A fin de contribuir al conocimiento del origen de los poliploides de esta especie, en este trabajo se analiza el comportamiento meiótico y la viabilidad del polen de 17 poblaciones diploides en las que previamente se detectó la producción de gametos no reducidos. Los resultados mostraron que las diacinesis-MI fueron generalmente regulares, con formación de 5II. Además, se observaron configuraciones meióticas desde univalentes a decavalentes. Algunas poblaciones, presentaron altos porcentajes de polivalentes, siendo la configuración más frecuente 3II+1IV (49,41%). En dos poblaciones se detectó la mayor variedad de configuraciones (6 y 7), mientras que cinco poblaciones sólo presentaron 2 configuraciones. Algunas células presentaron diferentes números cromosómicos como resultado de citomixis en diferentes etapas de la meiosis. También se observaron polivalentes, cromosomas fuera de placa (MI y MII), cromosomas rezagados, asincronías en la segregación en la segunda división; puentes con y sin fragmentos (AI y AII) y restitución nuclear. La viabilidad del polen varió entre todas las poblaciones analizadas, desde 6,96% hasta 94,95%. La baja viabilidad del polen detectada en algunas poblaciones sería el resultado de las diferentes irregularidades meióticas observadas en las mismas. Asimismo, la restitución nuclear sería el mecanismo citológico involucrado en la formación de gametos no reducidos en *T. krapovickasii*, sustentando la hipótesis del origen de los tetraploides por poliploidización sexual.

### RELACIONES GENÓMICAS ENTRE *Arachis glabrata* (4X) Y ESPECIES DIPLOIDES AFINES REVELADAS POR GISH

Ortiz A<sup>1</sup>, JG Seijo<sup>1,2</sup>, GI Lavia<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE – CONICET), C.C. 209, 3400, Corrientes, Argentina. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (FACENA), Universidad Nacional del Nordeste. e-mail: lavia@agr.unne.edu.ar

*Arachis glabrata*, maní rizomatoso perenne, es una especie tetraploide ( $2n=4x=40$ ) que produce forraje de alta calidad. La misma está incluida en la sección *Rhizomatosae*, junto con otras dos entidades tetraploides y una diploide. Sin embargo, estudios de cruzamientos, de marcadores moleculares, de secuencias de ADN y análisis cariotípicos, han evidenciado que *A. glabrata* presenta una constitución genómica diferente a la hallada en la única entidad diploide de la sección (RR) y cierta similitud genética con diploides de otras secciones. Por lo tanto, en este trabajo se analizó la afinidad genómica entre *A. glabrata* y diversas especies diploides de *Arachis* con diferentes genomas (A, Am, E<sub>2</sub>, E<sub>3</sub>, K y R) mediante GISH, con el objetivo de identificar las especies que presenten los genomas más afines a los del tetraploide. Los experimentos de GISH revelaron que existe: 1) una gran diferenciación genómica entre *A. glabrata* y las especies diploides con genoma Am, R y K, 2) cierto grado de homología genómica entre *A. glabrata* y la especie con genoma A, y 3) un alto grado de homología genómica entre *A. glabrata* y las especies diploides con genomas E<sub>2</sub> y E<sub>3</sub>, siendo mayor con las de genoma E<sub>2</sub>. Estos resultados, sustentados por evidencias de análisis cariotípicos y filogenias moleculares, nos permiten sugerir que los genomas A, Am, K y R no estarían presentes en la constitución del tetraploide y que esta especie podría poseer una constitución genómica EEEE.

### CITOGENÉTICA DE UNA *Salvia* NATIVA DE RIO NIO, TUCUMÁN

Budeguer, CJ, A Nasif, B Andrada Mansilla, A Pastoriza, L Martínez Pulido, F Villagrán. Facultad de Agronomía y Zootecnia. Universidad Nacional de Tucumán.



e-mail: carlosjbudeguer@gmail.com

El género *Salvia* L. (*Lamiaceae*), con alrededor de 900 especies, se distribuye en regiones subtropicales y templadas. En el norte de Argentina, está representado con 19 especies nativas y 5 introducidas o naturalizadas. Se hicieron estudios cariológicos con fines taxonómicos en *S. gilliesii* Benth., *S. stachydifolia* Benth. en Tucumán. En Río Nío (Tucumán) existe una población de *Salvia* utilizada en medicina popular, que no ha sido identificada a nivel de especie, como tampoco se encuentran antecedentes de estudios citogenéticos. La semejanza entre *S. cardiophylla* Benth. de la provincia de Entre Ríos, *S. rypara* de Salta y *S. coccinea* Juss. de Buenos Aires dificulta la determinación taxonómica, por lo que es necesario complementar con un análisis citológico. El objetivo de este trabajo es realizar un estudio taxonómico y citogenético (de mitosis, meiosis y viabilidad de polen) de una población de *Salvia* de Río Nío, Tucumán. Se identificó mediante clave taxonómica, dejando un ejemplar en herbario. Para meiosis se usaron flores pequeñas y para mitosis, meristemas radicales y hojas. El análisis taxonómico indica que se trata de *S. cardiophylla* Benth. El recuento cromosómico dio un  $2n=44$ , que se corresponde con  $x=11$ . En meiosis se observaron 22 bivalentes, con un comportamiento cromosómico en general regular (73% de polen viable); sin embargo se vieron tríadas con posible polen  $2n$  y asincronías. Estas anomalías, aunque en número bajo, darían lugar a hibridaciones naturales con otras *Salvias*, que a través de la evolución podría conducir a procesos de especiación.

CV 9

## MAPEO FÍSICO DE TRANSPOSONES CACTA EN EL MANÍ CULTIVADO Y SUS PROGENITORES DIPLOIDES UTILIZANDO FISH

Carisimo DA<sup>1</sup>, SS Samoluk, G Robledo<sup>1,2</sup>, JG Seijo<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste-UNNE-CONICET, C.C. 209, 3400, Corrientes, Argentina. <sup>2</sup>FACENA-UNNE.  
e-mail: seijo@agr.unne.edu.ar

El maní (*A. hypogaea*) es un alotetraploide (AABB) que surgió como resultado de la hibridación y poliploidización de dos diploides, siendo a *A. duranensis* (AA) y a *A. ipaënsis* (BB) los progenitores más probables. La hibridación y poliploidización han sido consideradas como mecanismos inductores de cambios genómicos que involucran principalmente

variación en el número y la distribución de secuencias repetidas. En este trabajo se analizó por FISH la distribución física de transposones CACTA en los cromosomas del maní cultivado y de sus parentales diploides con el objeto de inferir los cambios ocurridos en la fracción repetitiva de estos genomas asociados con la alopoliploidización en *Arachis*. La sonda utilizada para la hibridación fue construida mediante PCR utilizando cebadores específicos para una región conservada de la transposasa de los elementos CACTA. Los resultados obtenidos revelan diferencias cuantitativas de hibridación entre las especies diploides, mientras que *A. hypogaea* muestra un patrón equivalente a la sumatoria de la hibridación observada en sus parentales. Se concluye que: 1) Estos elementos se revelan como marcadores genómicos útiles para el estudio citogenético de anfiploides en *Arachis*. 2) La representación diferencial de esta familia de transposones en los cromosomas de los diploides analizados sugiere que la diferenciación genómica los mismos habría estado asociada a cambios en esta fracción de secuencias. 3) El proceso de alopoliploidización que originó a *A. hypogaea* no habría inducido cambios detectables a nivel cromosómico en los elementos CACTA.

CV 10

## EVALUACIÓN CITOGÉNÉTICA DE GERMOPLASMA DE *Trichloris crinita* (LAG.) PARODI (POACEAE, CHLORIDOIDEAE)

Kozub C<sup>1,2</sup>, A López Frasca<sup>1</sup>, P Cavagnaro<sup>1,3,4</sup>, A Honfi<sup>5</sup>, J.B. Cavagnaro<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias-Universidad Nacional de Cuyo, <sup>2</sup>Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas(CONICET), <sup>4</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-E.E.A. La Consulta, <sup>5</sup>Instituto de Biología Subtropical (Universidad Nacional de Misiones-CONICET).  
e-mail: carolinakozub@yahoo.com.ar

*Trichloris crinita* es una importante gramínea del Monte argentino debido a su buena calidad forrajera y su extensa área de distribución. Estudios previos en 20 accesiones de *T. crinita* demostraron diferencias a nivel fisiológico, morfológico, genético (por marcadores AFLPs) y de productividad forrajera. Debido a que la multiplicación durante 4 generaciones reproducía las características de la planta madre original y a que especies filogenéticamente cercanas a *T. crinita* son apomíticas, se planteó la hipótesis de la existencia de un sistema de reproducción apomítico, éste frecuentemente está asociado a poliploidía. Conocer el método reproductivo es fundamental para el mejoramiento de esta especie.



En este trabajo se puso a punto un método para contar cromosomas en *T. crinita* y caracterizar la colección en base al nivel de ploidía. Después de optimizar numerosos factores se estableció un protocolo de trabajo. Brevemente, ápices de raíces jóvenes de plantas en activo crecimiento se pretratan con 8-hidroxiquinoleína por 1 hora, luego sin mediar fijación se someten a hidrólisis ácida en HCl 1N a 60° C 12 minutos, seguido de tinción con fucsina básica por 3 horas. Luego se macera con orceina acética 2%, se efectúa el aplastado y la observación microscópica. El número cromosómico somático para 5 genotipos fenotípicamente disímiles de *T. crinita* es de  $2n=40$  (10 núcleos metafásicos/individuo). Esta metodología permitirá profundizar estudios futuros sobre el nivel de ploidía y método reproductivo de *T. crinita*, como también su relación taxonómica con otras especies de Chloridoideae.

CV 11

### ESTUDIOS CITOGÉNÉTICOS EN CUATRO ESPECIES DEL GÉNERO *Calibrachoa*

Kato A<sup>1</sup>, L Poggio<sup>2</sup>, E Greizerstein<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Floricultura INTA, Castelar, <sup>2</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA, <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ.  
e-mail: akato@castelar.inta.gov.ar

*Calibrachoa*, es un género empleado en los programas de mejoramiento de especies nativas, llevados a cabo en INTA. Presenta abundante floración, con pequeñas flores de variados colores en las diferentes especies. Para propagar aquellos individuos selectos, se ajustan protocolos de clonación *in vitro*, sin la presencia de mutaciones indeseables, tales como aneuploidías entre otras. Para el ajuste de los mismos, se inició la caracterización citogenética de individuos *wild type*, que serán comparados con los cariotipos de las plantas clonadas. En el presente trabajo se analizan individuos de las especies *C. humilis*, *C. misionica*, *C. ovalifolia* y *C. thymifolia*. Se emplearon meristemas de raíz de esquejes cultivados *in vitro*, tratados con colchicina al 0,05% 1.15 hs, fijadas con solución Carnoy y teñidas con la técnica de Fuelgen, y anteras de flores inmaduras fijadas en Carnoy. Se determinó la presencia y composición relativa de la heterocromatina mediante bandeo DAPI, CMA3. *C. humilis* y *C. thymifolia* poseen  $2n=18$  ( $2m + 6sm + 1t$ ). Las bandas heterocromáticas observadas son teloméricas DAPI+/CMA3+. Por su parte *C.*

*misionica* y *C. ovalifolia*, presentaron  $2n=18$  ( $1m + 8sm$ ). Ambas especies presentan un par sm, portador de una constricción secundaria. Asimismo se analizó el comportamiento meiótico de las 4 especies, las cuales mostraron meiosis regular con formación de 9 bivalentes, en su gran mayoría cerrados. Estos estudios serán de gran utilidad en la evaluación de los posibles efectos de los tratamientos utilizados en estos métodos no tradicionales de propagación.

CV 12

### ANÁLISIS DE TRANSPOSONES DE LA FAMILIA CACTA EN EL GENOMA DE TRES ESPECIES DE *Notolathyrus*

Scarpin J<sup>1</sup>, D Carísimo<sup>1</sup>, G Robledo<sup>1,2</sup>, S Samoluk<sup>1</sup>, JG Seijo<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), C.C. 209, 3400, Corrientes, Argentina. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura. Universidad Nacional del Nordeste (UNNE).  
e-mail: jona\_sca@hotmail.com

Las especies de la sección *Notolathyrus* (*Lathyrus*) tienen el mismo número básico y nivel de ploidía, sin embargo, presentan gran variación en el tamaño genómico y difieren en el patrón de bandas heterocromáticas. En algunos grupos de plantas se ha demostrado que los cambios en la composición y representación del ADN repetitivo han sido muy importantes en la diferenciación y diversificación genómica y de la estructura cariotípica de las especies. Con el objetivo de analizar el grado de divergencia de esta fracción del genoma en *Notolathyrus*, en este trabajo se aislaron y caracterizaron 20 secuencias de un dominio conservado de la transposasa de elementos CACTA en tres especies y se analizó la distribución de las secuencias mediante FISH. La comparación de estas secuencias entre sí y con las publicadas para otras angiospermas reveló que, independientemente de las especies, las secuencias aisladas forman dos grupos, uno exclusivo de *Lathyrus* y otro que incluye secuencias de *Lathyrus* y de otras especies de la tribu *Fabeae*. Algunas de las secuencias aisladas se presentaron dispersas en el árbol sin formar grupos definidos. El patrón de hibridación *in situ* obtenido fue muy similar en las tres especies y reveló una distribución dispersa en todos los cromosomas. La gran disimilitud nucleotídica observada sugiere que el elemento analizado habría acompañado la divergencia de las especies. Asimismo, la conservación de la intensidad



y regularidad de dispersión en complementos cortos y largos sugiere que los CATA habrían estado involucrados en la expansión de los genomas.

## CV 13

### CITOGENÉTICA DEL HÍBRIDO ENTRE *Turnera occidentalis*, HEXAPLOIDE Y *Turnera velutina*, HEXAPLOIDE (TURNERACEAE)

Fernández SA<sup>1,2</sup>, A Fernández<sup>2</sup>, VG Solís Neffa<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE), <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE).

e-mail: safernandez22@gmail.com

El género *Turnera* (Turneraceae), tiene 9 series con 3 números básicos,  $x=5$ ,  $x=7$  y  $x=13$ . A fin de analizar las relaciones filogenéticas entre las especies de la serie *Turnera* ( $x=5$ ), se obtuvieron numerosos híbridos interespecíficos de diferentes niveles de ploidía. En este trabajo se presenta el análisis de un híbrido entre dos especies hexaploides, *T. occidentalis* y *T. velutina*. El estudio meiótico fue realizado tanto en botones frescos como fijados en etanol absoluto y ácido acético (3:1). Se analizaron 32 células en MI, en las que se encontraron 9 configuraciones diferentes, siendo la más frecuente 12I+9II (28,13%), en esta fase también se encontraron cromosomas fuera de placa (81,68%). Se observaron cromosomas rezagados en AI, TI (78,77%), AII y TII. En AI se encontró un 10,27% de células con puentes y fragmentos. También se observaron cromosomas fuera de núcleo en PII (55,56%). La fertilidad del polen fue del 4,69%. La fórmula genómica propuesta para *T. occidentalis* es  $A^{OC}A^{OC}BBB^{OB^O}$  y para *T. velutina*  $AAA^VA^VA^F$ ; por lo tanto la fórmula genómica del híbrido sería  $A^{OC}AA^VA^FBB^O$ . Los bivalentes observados se formarían por apareamientos autosindéticos entre los cromosomas de los genomas B de *T. occidentalis* y por apareamientos autosindéticos y/o alosindéticos entre los cromosomas de los genomas A de ambas especies. La baja frecuencia de polivalentes encontrada sugiere que los cuatro genomas A del híbrido presentan poca afinidad entre sí. La meiosis y la baja fertilidad observada en el híbrido, indicarían que ambas especies están diferenciadas filogenéticamente.

## CV 14

### MAPEO FÍSICO DE GENES RIBOSOMALES EN ESPECIES

### DIPLOIDES DE *Hippeastrum* HERB (AMARYLLIDACEAE)

Cerutti JC<sup>1,2</sup>, EA Moscone<sup>2</sup>, JR Daviña<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética Vegetal, Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (IBS-UNAM-CONICET), <sup>2</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV-CONICET).

e-mail: jccerutti@fceqyn.unam.edu.ar

*Hippeastrum* es un género cromosómicamente estable con  $x=11$ , predominio de especies diploides y un cariotipo fundamental compuesto por  $8m+8sm+6st$ . La heterocromatina constituye menos del 1% de la LTC, es rica en GC y se encuentra distalmente en cromosomas *sm-st*. Se realizaron experimentos de hibridación *in situ* fluorescente (FISH) con sondas de ADNr 5S y 45S en ocho especies diploides para establecer el patrón de distribución de genes ribosomales en el género. En general se observaron entre 2 y 7 loci de ADNr 45S por complemento cromosómico, los cuales contienen diferente número de cistrones ribosomales y se distinguen como menores, intermedios y mayores. Solamente los loci mayores son activos como regiones organizadoras nucleolares (NORs) y constituyen constricciones secundarias en brazos cortos de cromosomas *st* (9-11). Los loci menores e intermedios aparecen generalmente en posición terminal en brazos largos de cromosomas *sm-st* (5-11), observándose frecuentes heteromorfismos en tamaño o presencia entre loci de cromosomas homólogos. Con respecto al ADNr 5S, se observaron solo 2 loci por complemento cromosómico, que se disponen subterminalmente en brazos largos de cromosomas *sm-st* (7-11). Suelen encontrarse contiguos a loci teloméricos menores de ADNr 45S, conformando un par de loci sinténicos, que se presentan conservados en el 75% de las especies analizadas. Los resultados indican que el patrón de distribución de ADNr 5S en *Hippeastrum* está fuertemente conservado y que los loci de ADNr 45S son más variables aunque solo se transcribe un locus conservado por genoma haploide.

## CV 15

### CARIOTIPOS EN ESPECIES DE *Solanum* DEL CLADO MORELLOIDE (SOLANACEAE)

Moyetta N, L Stiefkens, F Chiarini, G Bernardello. IMBIV-CONICET-Córdoba.

e-mail: natalia\_moyetta@yahoo.com.ar

*Solanum* L., con unas 1200-1750 especies, es uno de los géneros más grandes de angiospermas. La mayoría de sus especies crece en Sudamérica pero



existen otros centros de diversificación secundarios y endemismos. En cuanto a su sistema clasificatorio, desde hace tiempo, diversos autores han intentado obtener nueva información que permita aclarar las relaciones de parentesco entre las especies pero ninguno tuvo consenso generalizado. En particular, el clado Morelloide se destaca por la cantidad de especies en nuestro país. Sin embargo, este clado difiere con las secciones o grupos tradicionalmente reconocidos. Es por ello que analizan siete especies nativas mediante el empleo de técnicas citogenéticas con el objeto de obtener información original que permita esclarecer su taxonomía (*S. cochabambense*, *S. concareense*, *S. deltaicum*, *S. ratum*, *S. restrictum*, *S. riojense* y *S. zuloagae*). A partir de la tinción clásica se obtuvieron sus cariotipos, reportándose por primera vez su número cromosómico y fórmula cariotípica. Todas las especies estudiadas presentaron  $2n=24$  y los cariotipos estuvieron constituidos por una mayoría de cromosomas metacéntricos y submetacéntricos. El largo total del genoma haploide presentó un rango de 16,73 a 25,35  $\mu\text{m}$ . En cuanto a la asimetría de sus cariotipos, *S. restrictum* y *S. zuloagae* resultaron ser los más asimétricos y *S. cochabambense* el más simétrico. Las diferentes variables cromosómicas estudiadas sirvieron para individualizar especies y contribuyeron en la caracterización taxonómica de las especies del clado Morelloide.

## CV 16

### TIPO Y DISTRIBUCION DE LA HETEROCROMATINA EN DOS ESPECIES DEL GENERO *Zephyranthes* (AMARYLLIDACEAE)

Daviña JR, AI Honfi. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Laboratorio de Citogenética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, IBS-UNaM-CONICET, FCEQyN, Posadas, Misiones.  
e-mail: juliordavina@gmail.com

*Zephyranthes* comprende 11 especies en Argentina y éstas responden a una serie diploide, con tres números básicos  $x=5, 6$  y  $7$  cromosomas. Se estudiaron con tinción clásica y molecular los cromosomas mitóticos de poblaciones diploides de *Z. seubertii* ( $2n=2x=10$ ), con el cariotipo formado por  $6m+4sm$  y de *Z. mesochloa* con  $2n=2x=12$ , con  $4m+4sm+4st$ . En ambas especies se localizó un satélite en brazo largo, del cromosoma  $2m$  y  $4sm$  respectivamente. Las células mitóticas exhiben 1 ó 2 nucléolos que se colorean intensamente con coloración Ag-Nor,

pero se observaron más frecuentemente 1 nucléolo (71,42% en *Z. seubertii* y 73,91% en *Z. mesochloa*). Los patrones de heterocromatina se identificaron con CMA/DA/DAPI. Las bandas revelaron la presencia de heterocromatina constitutiva  $\text{CMA}^+/\text{DAPI}^-$  (rica en GC), asociadas a las NORs y presentes en los cromosomas del par 2 ( $m$ ) de *Z. seubertii* y 4 ( $sm$ ) de *Z. mesochloa*. Ambas especies tienen la banda con un tamaño similar (0,5  $\mu\text{m}$ ) y en posición terminal del brazo largo del cromosoma. La cantidad de heterocromatina por genoma fue de 1,13% en *Z. seubertii* y apenas mayor en *Z. mesochloa* (1,43%). Los resultados indican que la heterocromatina no ha jugado un rol evolutivo importante en el origen de las diferencias de tamaño del genoma, número cromosómico y fórmula cariotípica entre diploides de ambas especies. Como en *Z. seubertii* y *Z. mesochloa* coexisten citotipos de diferentes niveles de ploidía, la caracterización citogenómica de los diploides aquí presentada, permitirá futuros análisis comparativos entre los complejos poliploides de estas especies.

## CV 17

### HETEROCROMATINA EN *Paspalum notatum* FLÜGGÉ (POACEAE)

Honfi AI, Daviña JR. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Laboratorio de Citogenética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, IBS-UNaM-CONICET, FCEQyN.  
e-mail: ahonfi@gmail.com

*Paspalum notatum* es una importante forrajera nativa, ampliamente distribuida en América, que posee diploides sexuales ( $2n=2x=20$ ) y poliploides conespecíficos de reproducción apomítica. Para elaborar el mapa citogenómico de *P. notatum* se describe su cariotipo, distribución y tipo de heterocromatina constitutiva. Se estudiaron los cromosomas mitóticos del citotipo tetraploide (H1603) comparativamente con el diploide ya conocido (H1453), ambos ejemplares depositados en MNES. Se aplicaron técnicas clásicas y moleculares mediante el uso secuencial de CMA/DA/DAPI. El cariotipo está compuesto por  $36 m+4 sm$  cromosomas, cuya longitud total varía entre 1,1–2,3  $\mu\text{m}$ . La tetraploidía presenta por cuadruplicado la fórmula cariotípica de  $9m+1sm$  propia de los diploides, pero la longitud total del complemento cromosómico no es una simple adición a partir del diploide (57,6  $\mu\text{m}$  en  $4x$  y 34,28  $\mu\text{m}$  en  $2x$ ). En el cuarteto 6 metacéntrico se encuentra un satélite en brazo corto, rico en GC, ( $\text{CMA}^+ \text{DAPI}^-$





) Ocasionalmente, un satélite se presenta como DAPI. Un cromosoma 6 tiene en posición distal del brazo corto una banda CMA<sup>+</sup>DAPI de 0,5  $\mu$ m, cuya condición es heterocigota estructural. El aumento de tamaño genómico del tetraploide no está asociado a un aumento proporcional en heterocromatina constitutiva, cuyo valor asciende apenas al 3,47%, en cambio en diploides es del orden del 2,8 % del total del genoma. La heterocromatina constitutiva encontrada *P. notatum* es rica en GC y tiene un patrón de localización de bloques de tipo conservado.

CV 18

### AVALIAÇÃO DE CITOTOXICIDADE DE *Anadenanthera macrocarpa* (BENTH.) BRENAN EM CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE *Allium cepa* LINN.

Garcia ACFS<sup>1</sup>, DSBS Silva<sup>2</sup>, NP Damascena<sup>3</sup>, CS Estevam<sup>3</sup>, R Scher<sup>4</sup>, SM Pantaleao<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal de Sergipe, Av. Marechal Rondon, CEP 49100-000, São Cristóvão, Sergipe, Brasil, <sup>2</sup>Faculdade de Biociências, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Av. Ipiranga, n° 6681, CEP 90610-000, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, <sup>3</sup>Departamento de Fisiologia, Universidade Federal de Sergipe, Av. Marechal Rondon, CEP 49100-000, São Cristóvão, Sergipe, Brasil, <sup>4</sup>Departamento de Morfologia, Universidade Federal de Sergipe, Av. Marechal Rondon, CEP 49100-000, São Cristóvão, Sergipe, Brasil, <sup>5</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Sergipe, Av. Marechal Rondon, CEP 49100-000, São Cristóvão, Sergipe, Brasil.  
e-mail: spleao@yahoo.com.br

*Anadenanthera macrocarpa* é uma espécie vegetal utilizada pela população para fins medicinais principalmente pelas suas características antiinflamatórias e antioxidantes. Este trabalho teve objetivo avaliar o potencial citotóxico da decocção de *A. macrocarpa* em células meristemáticas de *Allium cepa*. Neste estudo, foram testadas dez diferentes concentrações da decocção e a água destilada foi usada como controle negativo. As lâminas foram preparadas através da técnica de esmagamento, e foram analisadas 4000 células para cada grupo de bulbos, observando-se o ciclo celular de *A. cepa* e anormalidades presentes em suas células. Também foi feita análise dos fitoquímicos presentes em *A. macrocarpa*. Foi calculado o Índice Mitótico (IM) e a análise estatística foi realizada através do teste Kruskal-Wallis ( $p < 0.05$ ). De acordo com os resultados obtidos, houve redução do IM em quase todas as concentrações testadas, quando comparadas ao controle. Em relação à presença de aberrações celulares, não houveram diferenças significativas quando comparadas ao controle. Os

resultados indicaram que a decocção dessa espécie pode apresentar efeitos antiproliferativos, mas não induz danos ao DNA das células meristemáticas de *Allium cepa*.

CV 19

### ESTUDIOS CITOGENÉTICOS EN *Solanum pseudocapsicum* (SOLANACEAE) Y ESPECIES EMPARENTADAS. RESULTADOS PRELIMINARES

Moyetta N, Chiarini F, Barboza G. IMBIV-CONICET-UNC.  
e-mail: natalia\_moyetta@yahoo.com.ar

*Solanum pseudocapsicum*, nativa de Sudamérica, es una hierba cultivada en todo el mundo por su valor ornamental, y presenta una gran variabilidad fenotípica. Es por ello que la delimitación de esta especie, sus taxones infraespecíficos y la relación con especies afines es confusa y genera problemas nomenclaturales. La validez de varias entidades es cuestionada sobre la base de caracteres morfológicos semejantes y continuos. A fin de circunscribir el grupo y dilucidar la real identidad de sus integrantes, se han encarado distintos estudios multidisciplinarios. Dado el escaso conocimiento citogenético existente para estas especies, se presenta en esta contribución el análisis de los cariotipos, con tinción clásica, de: *Solanum pseudocapsicum* L., *S. diflorum* Vell., *S. tucumanense* Griseb. y *S. delicatulum* L.B. Sm. & Downs. Todas las especies poseen  $2n = 24$ ; los cariotipos estuvieron constituidos en su mayoría por cromosomas meta- y submetacéntricos, excepto *S. tucumanense* que tiene un par subtelocéntrico. El largo total del genoma haploide presentó un rango de 19,05  $\mu$ m a 21,57  $\mu$ m. En cuanto a la asimetría de los cariotipos, *S. tucumanense* resultó ser el más asimétrico con la mayoría de sus cromosomas y *S. diflorum* el más simétrico. Los resultados fueron analizados estadísticamente concluyéndose que las diferentes variables cromosómicas sirvieron para individualizar especies. Estos estudios sostienen la existencia de tres especies, hecho que se suma a los resultados obtenidos en el estudio de caracteres morfoanatómicos en individuos vivos y gran cantidad de material de herbario.