

CV 1

CONTENIDO DE ADN EN POLIPLÓIDES DE *Chrysoleaena flexuosa* (SIMS) H. ROB. DE LA ARGENTINA

Echeverría M.L.¹, E.L. Camadro^{1,2,3}. ¹Facultad de Cs. Agrarias, UNMDP. ²INTA, Balcarce. ³CONICET, Argentina.
Email: echeverria.marialis@inta.gob.ar

Chrysoleaena flexuosa (Asteraceae), nativa de potencial valor ornamental, se distribuye desde el sur de Brasil hasta el centro de Argentina. El número cromosómico básico de esta especie es $x=10$, habiéndose reportado citotipos diploides, tetraploides y hexaploides. Para estimar si el tamaño genómico se correlaciona con la ploidía, a fin de utilizar dicho parámetro en estudios citogeográficos, en siete introducciones argentinas (9 individuos/introducción) se estimó el contenido de 2C ADN mediante citometría de flujo con yoduro de propidio (3 estimaciones/individuo, ≥ 2000 núcleos/estimación), empleando *Secale cereale* L. cv. "Daňkovské" como estándar interno. Se incluyó un individuo de número cromosómico conocido de cada introducción como control para realizar un Test de Dunnett ($\alpha=5\%$). Se estimaron los valores 2C y 1Cx ADN por individuo y se realizaron ANOVAs entre introducciones ($\alpha=5\%$). No se detectaron diferencias significativas entre los valores de 2C ADN de los individuos de cada introducción y sus correspondientes controles. Para los valores 2C y 1Cx ADN se detectaron diferencias significativas entre introducciones ($p<0,0003$ y $p<0,0001$); asimismo, el test de Tukey permitió separar las introducciones en tres grupos coincidentes con el nivel de ploidía del control correspondiente. El valor 2C ADN aumentó con la ploidía: $2n=2x=2,95$ pg, $2n=4x=5,83$ pg, $2n=6x=8,63$ pg, siendo inverso el comportamiento del valor 1Cx ADN. Esto sugeriría que, en respuesta al shock genómico de la poliploidización, se habría producido una reducción en el contenido de ADN, no así de cromosomas.

CV 2

ORIGEN GENÉTICO DE *Andropogon gerardii* BASADO EN LA HOMOLOGÍAS CON *Andropogon ternarius* Y *Andropogon gyrans* REVELADAS MEDIANTE HIBRIDACIÓN *IN SITU*

Hidalgo M.I.M.¹, N. Nagahama¹, E.J. Greizerstein², G.A. Norrmann¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias (FCA-UNNE), Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), Corrientes, Argentina. ²Estación Experimental Agroforestal Esquel (INTA). ³Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ, Llavallol, Argentina.
Email: maphidalgo@hotmail.com

En 1975, Sttebbins hipotetizó sobre el origen genético de la especie norteamericana *A. gerardii* ($2n=6x=60$) proponiendo que podría haberse originado a partir de la poliploidización de algunas especies diploides de la región del "Cotton Belt". Una de ellas, miembro del complejo norteamericano *Andropogon Virginicus*, habría dado lugar al tetraploide *A. ternarius* ($2n=4x=40$) el cual a partir de cruzamientos intergenéricos con *Bothriochloa sect. Amphilopsis* dieron origen a *A. gerardii*. La Hibridación *In Situ* (GISH) sobre *A. gerardii* utilizando como sonda ADN genómico de *A. gyrans* mostró señales de hibridación centroméricas y teloméricas en 40 cromosomas, siendo estas señales intensas en 20 de ellos. Un patrón diferente de homología fue observado cuando la sonda de ADN genómico de *A. ternarius* (tetraploide norteamericano) se utilizó para hibridar a *A. gerardii* mostrando fuertes señales de hibridación en todos los cromosomas, siendo la mayoría de éstos completamente hibridados y el resto con señales dispersas. No se observaron señales de hibridación sobre las regiones teloméricas DAPI+ de 20 cromosomas, donde la falta de secuencias homólogas podría sugerir una evolución divergente en las regiones heterocromáticas.

CV 3

SILENCIAMIENTO Y ACTIVACIÓN DE GENES rDNA EN CROMOSOMAS A Y B DE ESPECIES DE HÍBRIDOS DE *Glandularia*

Poggio L.¹, E.J. Greizerstein^{1,2}, M.R. Ferrari³. ¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución IEGEBA (CONICET-FCEN, Universidad de Buenos Aires), CABA, Argentina. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora (UNLZ), Buenos Aires, Argentina. ³Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina. Email: lidialidgia@yahoo.com.ar

La activación o silenciamiento de genes rDNA dependen de la demanda celular de ribosomas para la síntesis de proteínas. Estos fenómenos involucran modificaciones epigenéticas de la cromatina, incluyendo metilaciones del ADN y modificaciones post-traduccionales de las histonas. La dominancia nucleolar es un fenómeno epigenético común en híbridos interespecíficos, en donde sólo son activos los genes rDNA de uno de los padres. Este fenómeno no es exclusivo de híbridos pues encontramos dominancia nucleolar en *G. pulchella*, donde sólo son activas 2 de las 4 zonas rDNA detectadas por FISH. El híbrido *G. incisa* (2rDNA activos) x *G. pulchella* presenta 3 zonas rDNA, las 3 activas, indicando reactivación de las zonas inactivas de *G. pulchella*. En este trabajo presentamos cromosomas B con un organizador nucleolar activo. *G. incisa* y *G. perackii* presentan polimorfismo numérico para cromosomas B (0-5). Un cromosoma B posee actividad nucleolar, observándose en algunos casos competición nucleolar con el rDNA de los cromosomas A.

CV 4

ESTUDIOS CROMOSÓMICOS EN DOS DIPLOIDES SUDAMERICANOS DE *Andropogon* L. (GRAMINEAE)

Hidalgo M.I.M.¹, E.J. Greizerstein², G.A. Norrmann¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias (FCA-UNNE), Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), Corrientes, Argentina. ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ, Llavallol, Argentina. Email: mapyhidalgo@hotmail.com

Andropogon L. es uno de los géneros más representativo de la tribu Andropogoneae contiene aproximadamente 100-120 especies distribuidas en pastizales naturales de América y África. La sección *Leptopogon Stapf* es considerada la más avanzada y la de mayor número de representantes en América. A esta sección pertenecen los diploides ($2n=20$) *A. selloanus* (Hack.) Hack. distribuido desde Centroamérica a Sudamérica y *A. macrothrix* Trin. sudamericano. Para analizar las relaciones genómicas entre ambos diploides se realizaron estudios cromosómicos y moleculares. Mediante técnicas clásicas de tinción por primera vez se sugiere una fórmula cariotípica para *A. selloanus* (8m+2sm) y para *A. macrothrix* (9m+1sm) con una longitud total del complemento de 104,74 μm y 31,89 μm respectivamente. Por medio de bandeado C y DAPI/CMA3 se estimó la distribución y composición de la heterocromatina constitutiva. Asimismo se desarrolló una sonda ribosomal 45 S de trigo (*Triticum aestivum*) cuyas secuencias son compatibles con las especies a analizar. La hibridación con la sonda mostró 2 señales de hibridación en regiones teloméricas en un par cromosómico de cada especie. El contenido de ADN nuclear se estimó por Citometría de flujo. Se observaron los siguientes valores 2C de *A. selloanus* 2,49 pg y de *A. macrothrix* 2,61 pg. Estudios anteriores indicaron un genoma básico (S) involucrado en el origen de estos diploides que forman poblaciones simpátricas siendo posible la hibridación natural entre ellos. Mediante la técnica de GISH se corrobora la hipótesis de la presencia del genoma S.

CV 5

CHROMOSOME REARRANGEMENTS IN *Phaseolus macvaughii* DELGADO (LEGUMINOSAE): MORE THAN JUST ONE DYSPLOIDY

Ferraz M.E.¹, A. Fonseca¹, A. Pedrosa-Harand¹. ¹UFPE, Brasil.
Email: mefvasconcelos@hotmail.com

The genus *Phaseolus* is known for its economic importance and chromosome number stability with $2n=22$. However, a small monophyletic group of three species, the *Leptostachyus* clade, shows a dysploid karyotype with $2n=20$ and one larger chromosome pair. The most derived species of this group (*P. leptostachyus*) presents several rearrangements including translocations, inversions and a nested chromosome fusion (NCF). The aim of this study was to verify whether the basal species, *P. macvaughii*, shares the same rearrangements with *P. leptostachyus*. We conducted fluorescent *in situ* hybridization (FISH) using 14 BACs as probes, previously mapped in *P. leptostachyus*. The BAC-FISH in *P. macvaughii* revealed that the largest chromosome pair is formed by a NCF of chromosome 10 into chromosome 11, similar to *P. leptostachyus*. However, in *P. leptostachyus* only, part of chromosome 6 was also translocated to this chromosome. *P. macvaughii* chromosome 3 showed loss of collinearity to *P. vulgaris* due to a pericentric inversion, which was different to the one observed in *P. leptostachyus*. *P. macvaughii* chromosome 7, however, has kept the collinearity to *P. vulgaris*, contrasting to the observed in *P. leptostachyus*. Thus, the NCF event is a synapomorphy of the *Leptostachyus* clade, which has resulted in a dysploidy giving rise to $2n=20$. However, different rearrangements were also observed in both species, indicating their independent occurrence after dysploidy.

CV 6

CITOGÉNÉTICA DE *Leucocoryne* Y PROBABLE PARTICIPACIÓN DE *Tristagma bivalbe* EN LA EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA DEL GÉNERO

Palma-Rojas C.¹, C. Araya-Jaime¹, P. Jara-Seguel². ¹Departamento de Biología U, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena, Chile. ²Escuela de Ciencias Ambientales, Fac. de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, Chile.
Email: cpalma@userena.cl

Leucocoryne Lindley (Alliaceae) es un género de geófitas endémicas de Chile, distribuidas entre los 20° 13" S hasta los 36° 30" S. Presenta 15 especies conformando un grupo monofilético cuyos cariotipos más frecuentes son $2n=10$ y $2n=18$, postulándose que estos últimos serían de origen poliploide incluyendo además, algunos individuos con cariotipos $2n=14$ y $2n=22$. Un género filogenéticamente cercano a *Leucocoryne*, es *Tristagma* Poepp, cuya especie *T. bivalbe* $2n=8$ es simpátrica con *Leucocoryne*. Para conocer las probables relaciones evolutivas entre estos géneros, se describen y comparan los cariotipos de *L. purpurea* (Lpu), *L. macropetala* (Lma), *L. vittata* (Lvit), *L. coquimbensis* (Lco), *L. appendiculata* (Lap) y *Leucocoryne* sp. "Taltal". Lpu, Lma y Lvit comparten un mismo cariotipo $2n=10$. Lco y Lap presentan un cariotipo $2n=18$, morfológicamente similar, el cual difiere del $2n=26$ encontrado para *Leucocoryne* sp. "Taltal". Las relaciones cromosómicas encontradas y su contrastación con la morfología floral, sugieren la ocurrencia de hibridaciones entre los ancestros de *Leucocoryne* $2n=10$ con los similares de *Tristagma* $2n=8$. Estos híbridos ($5+4=9$) habrían poliploidizado, originando el cariotipo tetraploide básico $2n=18$ ($[4+5] \times 2$). Nuevos híbridos entre los $2n=18$ con *T. bivalbe* $2n=8$ explicarían el cariotipo hexaploide $2n=26$ ($[4+5]+4 \times 2$), encontrado para *Leucocoryne* sp. "Taltal". Este mecanismo explicaría también el surgimiento de los cariotipos $2n=14$ y $2n=22$, sugiriendo además que los cariotipos con números mayores de $2n=10$ no tendrían un origen monofilético como se ha planteado hasta ahora.

CV 7

CITOGENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES DE CUATRO ESPECIES DE *Habranthus* (AMARYLLIDACEAE)

Gianini Aquino A.C.¹, A.I. Honfi¹, J.R. Daviña¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas, UNaM, CONICET, Posadas, Argentina. Email: anita_gianini@hotmail.com

El género *Habranthus* comprende bulbosas perennes con potencial ornamental debido a las cualidades de sus vistosas flores. Aproximadamente 25 especies habitan en Argentina, que pueden agruparse por sus números básicos y niveles de ploidía. Debido a la falta de estudios poblacionales, el objetivo de este trabajo es analizar la citogeografía de cuatro especies del nordeste argentino, mediante tinción clásica de Feulgen para el recuento cromosómico, determinación del nivel de ploidía y fórmula cariotípica de al menos 5 individuos de cada población. Para el mapeo y el análisis geográfico se utilizó el programa DIVA-GIS. En la única población de *H. andalgalensis*, todos los individuos examinados presentaron $2n=2x=12$ ($8m + 4sm$). Las dos poblaciones de *H. robustus*, son uniformes con $2n=2x=12$ ($6m + 4sm + 2st$). Las cuatro poblaciones de *H. pedunculatus* son monomórficas con $2n=2x=14$ ($2m + 6sm + 6st$). En cuanto a las 3 poblaciones de *H. tubispathus*, dos de ellas resultaron citológicamente homogéneas con $2n=4x=24$ y fórmula cariotípica $6m + 18sm$, y la restante presentó polimorfismo con individuos de $2n=24$ y $2n=25$ (88,89 % y 11,11 %, respectivamente). Los resultados indican que en general las especies presentan uniformidad para el cariotipo y el número cromosómico, la condición aneuploide polimórfica se encontró sólo en una población poliploide.

CV 8

MICROSPOROGÉNESIS Y FERTILIDAD DEL CITOTIPO HEXAPLOIDE DE *Paspalum conjugatum* P.J. BERG

Eckers F.¹, C.B. Sorol², J.R. Daviña¹, E.J. Martínez³, A.I. Honfi¹. ¹Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas, UNaM, CONICET, Misiones, Argentina. ²Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Posadas, Misiones, Argentina. ³Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina. Email: faby_eckers@hotmail.com

Paspalum conjugatum P.J. Berg, es una especie pantropical con razas diploides, tetraploides, hexaploides y octoploides. En Argentina, es frecuente el citotipo tetraploide ($2n=4x=40$) y ocasionalmente se registraron individuos hexaploides ($2n=6x=60$). Se identificaron 4 poblaciones $6x$ de Misiones (Argentina) donde fueron analizadas, por técnicas citológicas convencionales, la microsporogénesis, la producción de semillas y la germinación de las mismas bajo condiciones controladas. En diacinesis y metafase I de la meiosis se observaron, en promedio, 56 univalentes y entre 0-4 bivalentes por célula madre del polen. Entre metafase I y telofase I se observó formación de un núcleo de restitución, que luego se divide ecuacionalmente y origina diadas de microsporas no reducidas, uninucleadas. El polen es de tamaño heterogéneo con un diámetro entre 32,5 y 46,1 μm , y una viabilidad entre 83,7-95,5 %. La producción de semillas medida en polinización abierta en la población natural fue de 30,3 %, mientras que en condiciones controladas varió entre 19-51 %; y en autopolinización entre 33-44 %. Las semillas cosechadas en la población natural presentaron un poder germinativo del 12 % con un índice de velocidad de germinación de 1,1 semillas/día, a los 9 meses de la cosecha. Las poblaciones hexaploides están restringidas al nordeste argentino, con fertilidad del polen y de semillas que aseguran su establecimiento natural, hecho que sugiere un origen reciente a partir de poblaciones tetraploides. Sin embargo, la falta de apareamiento cromosómico en la meiosis no indica un origen autoploide.

CV 9

COMPORTAMIENTO MEIÓTICO DE *Paspalum unispicatum* TRIPLOIDE (POACEAE)

Perichon M.C.¹, J.R. Daviña¹, A.I. Honfi¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, UNaM, CONICET, Posadas, Argentina.
Email: constanzaperichon@gmail.com

Paspalum unispicatum (Scribn. y Merr.) Nash es una especie perenne del grupo informal Decumbentes, que presenta diploides ($2n=2x=20$), triploides ($2n=3x=30$) y tetraploides ($2n=4x=40$), y en Argentina se encuentran los tres citotipos. El citotipo diploide presenta reproducción sexual en cambio el triploide como el tetraploide tienen reproducción apomíctica. Se analizó el comportamiento meiótico, viabilidad del polen y la producción de semillas de una accesión triploide procedente de Formosa (Argentina) mediante técnicas citológicas convencionales. La meiosis presentó comportamiento irregular y en diacinesis y metafase I se observaron en promedio 4,54 (0-10) I, 8,5 (3-13) II, 2,4 (0-7) III y de 0,29 (0-1) IV por célula madre del polen (CMP). La asociación cromosómica más frecuente fue 4I+7II+4III y la presencia de hasta 7III indican alta homología entre los 3 juegos cromosómicos. Los granos de polen son de tamaño heterogéneo con viabilidad del 31 %, revelando que la accesión tiene baja fertilidad masculina. La producción de semillas en condiciones de polinización abierta fue del 75 % indicando que a pesar de tener la viabilidad del polen muy baja, esta accesión presenta alta fertilidad acorde con reproducción apomíctica. La presencia de trivalentes durante la meiosis indica un origen autoploiploide para este citotipo.

CV 10

ESTUDIOS CITOGÉNÉTICOS DE UN HÍBRIDO EXCEPCIONAL ENTRE *Zea parviglumis* X *Zea diploperennis*

Molina M.delC.¹, S.E. Chorzempa². ¹Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, FCyF, UNLP, Llavallol, Buenos Aires, Argentina, CONICET. ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ, Llavallol, Buenos Aires, Argentina.
Email: mcmgen@yahoo.com

Del cruzamiento entre *Z. parviglumis* x *Z. diploperennis*, con $2n=20$, se obtuvo un híbrido excepcional con $2n=40$. El híbrido era bianual, fértil, macollador, de 2 a 3 m de altura, con rizomas cortos, prolífico y florecía con días cortos. Las semillas estaban encerradas en cúpulas con raquis frágil que se desprendían y caían a la madurez. Las configuraciones meióticas más frecuentes fueron 16II+2IV y 18II+1IV, con un promedio de 1,18I+15,27II+0,07III+2,02IV y 28,20 quiasmas por célula. Los tetravalentes eran el producto del apareamiento de los cromosomas de *Z. parviglumis* con *Z. diploperennis* y los bivalentes del apareamiento de los cromosomas homólogos de la misma especie. Las anafases eran regulares y sólo excepcionalmente se observaron 2 o 3 puentes de inversión, cromosomas retrasados o distinto número cromosómico en cada uno de los polos. La fertilidad del polen fue del 70 % y el de las semillas de un 60 %. En el 20 % de las células se observó que los citoplasmas en distintos estadios de la meiosis dos o más células permanecían unidos a lo largo de la división celular, produciéndose intercambio de material genético y variación en el número cromosómico, pudiendo ser éste uno de los posibles mecanismos de duplicación cromosómica del híbrido y la obtención en forma natural de híbridos de *Zea* con distinto nivel de ploidía.

CV 11

A FIRST CYTOGENETIC MAP OF YELLOW PASSION FRUIT (*Passiflora edulis* SIMS, PASSIFLORACEAE)

Sader M.A.¹, C. Munhoz², H. Penha³, H. Bergès⁴, M.L.C. Vieira², A. Pedrosa-Harand¹. ¹UFPE, Recife, Brasil. ²USP, Piracicaba, Brasil. ³Unesp, Jaboticabal, Brasil. ⁴INRA, Toulouse, France.
Email: mariela_sader@yahoo.com.ar

Passiflora is the largest genus of the Passifloraceae family and includes about 500 species. The Neotropics are the center of diversity for the genus, and more than 130 *Passiflora* species are native to Brazil. The passion fruit (*P. edulis*, 2n=18) is the major crop because of its commercial interest for juice production and fresh fruit consumption. Despite the recent advances in genetic and genomic studies, it has not been possible to identify each of the chromosomes of *P. edulis*. Chromosome-specific markers can be developed using fluorescent *in situ* hybridization (FISH) and genomic sequences inserted in bacterial artificial chromosomes (BACs) as probes. In this study, 27 gene-containing BACs of *P. edulis*, as well as ribosomal DNA (rDNA) and three retrotransposon sequences, were used as probes to construct a physical map of passion fruit by FISH. Together with the 5S rDNA site, 12 single-copy sequences were mapped, mainly in terminal chromosome regions, allowing the identification of eight chromosome pairs. Furthermore, a dispersed distribution of retrotransposons Ty1-copia, Ty3-gypsy and LINE was demonstrated. Our results have confirmed the importance of BAC-FISH for chromosome characterization and identification and provided a cytogenetic map with chromosome-specific markers for passion fruit.

CV 12

VARIACIÓN DE LA DISTRIBUCIÓN CROMOSÓMICA DE ELEMENTOS TRANSPONIBLES EN MAÍCES NATIVOS DEL NOROESTE ARGENTINO

Fourastie M.F.¹, A.M. Gottlieb¹, L. Poggio¹, J. Cámara Hernández², G.E. González¹. ¹Laboratorio de Citogenética y Evolución, EGE (FCEyN-UBA); IEGEBA (UBA-CONICET). ²Cátedra de Botánica Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina.
Email: ffourastie@ege.fcen.uba.ar

En el maíz (*Zea mays* ssp. *mays*) aproximadamente el 85 % del genoma está constituido por transposones y retrotransposones. En el presente trabajo se estudió la distribución cromosómica de estos elementos transponibles en razas de maíces nativos del Noroeste de la Argentina (NOA). Se realizaron ensayos de Hibridación *In Situ* Fluorescente (FISH) utilizando como sondas las secuencias marcadas de los transposones Ac-Ds y En/Spm y de los retrotransposones Huck-2 y Ji-1. Estas sondas se hibridaron sobre metafases mitóticas y núcleos interfásicos de individuos de las razas Pisingallo, Morocho y Culli. En los individuos analizados, los transposones mostraron patrones de hibridación diferenciales entre los cromosomas de un mismo cariotipo. Además, las señales de hibridación positiva de ambos transposones permitieron determinar que existe variación en la distribución cromosómica de los mismos, tanto entre individuos de una misma raza como entre individuos de razas diferentes. Por otro lado, el retrotransposon Ji-1 mostró señales de hibridación positiva dispersa a lo en todos los cromosomas en la raza Culli. Las técnicas moleculares revelaron la presencia del retrotransposon Huck-2 en el genoma de esta misma raza, sin embargo, el mismo no fue detectado por FISH. Esto sugiere que el retrotransposon Huck-2 se encuentra disperso y/o en muy bajo número de copias en el cariotipo de Culli. Estos resultados, si bien parciales, contribuyen a la caracterización citogenética de las razas nativas del NOA, y constituyen importantes aportes para registrar la variabilidad de este patrimonio natural.

CV 13

FUSÃO CÊNTRICA E OUTRAS ALTERAÇÕES CARIOTÍPICAS ASSOCIADAS À SEPARAÇÃO DE *Oxalis psoraleoides* DE *O. rhombeoovata*

Mendes S.¹, M. Vaio², J. Nascimento¹, P. Fiaschi³, M. Guerra¹.¹Laboratório de Citogenética e Evolução Vegetal, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, PE, Brasil. ²Laboratório de Evolución y Domesticación de las Plantas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.³Laboratório de Sistemática Vegetal, Depto. de Botânica, Campus Universitário, UFSC, Santa Catarina, Brasil.

Email: msfguerra@hotmail.com

As espécies de *Oxalis* do subgênero *Thamnoxyis*, são caracterizadas por uma grande variação na morfologia, número, simetria cromossômica e conteúdo de DNA nuclear. Algumas dessas variações são características de determinados clados e parecem ter contribuído decisivamente para o processo de especiação. *Oxalis psoraleoides* com $n=6$ e *O. rhombeoovata* com $n=7$, destacam-se pela presença de uma fusão/fissão cêntrica possivelmente associada à divergência evolutiva entre elas. No presente trabalho foi feita uma análise cromossômica detalhada visando compreender a extensão da diferenciação cariotípica entre essas espécies. Foram analisados os padrões de bandas CMA/DAPI, sítios de DNAr 5S e 45S e quantidade de DNA nuclear. As duas espécies apresentaram em comum as seguintes características: sete braços cromossômicos médios a longos por conjunto haploide, presença de bandas CMA+ colocalizados com sítios de DNAr 45S na região terminal de todos os braços cromossômicos longos e presença de um único par de sítios de DNAr 5S colocalizados com uma banda CMA+ intersticial no menor braço cromossômico. Essa última característica não foi encontrada em nenhuma outra espécie analisada no gênero. *Oxalis rhombeoovata* difere de *O. psoraleoides* pela ausência do par cromossômico submetacêntrico, presença adicional de sítios de DNAr 45S colocalizados com bandas CMA+ em todos os braços curtos, presença de ao menos 6 bandas DAPI+ e uma quantidade de DNA nuclear significativamente menor que a de *O. psoraleoides*. Os resultados sugerem uma origem comum para as duas espécies, com o aparecimento de características cariológicas exclusivas em *O. rhombeo-ovata*.

CV 14

VARIACIONES EN LA GERMINACIÓN Y DIVISIÓN MITÓTICA EN SEMILLAS DE *Zea mays* TRATADAS CON SOLUCIONES DE ALPERUJO

Vergara J.R.¹, J.E. Coronel¹, J.E. Reales¹, C.E.V. Galvan¹.¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca, Argentina.

Email: geneticafacenunca@gmail.com

La contaminación de los suelos con residuos oleícolas es un grave problema de estrés ambiental para las plantas. En el siguiente trabajo se estudió el efecto causante en raíces de plántulas de *Zea mays* germinadas en placas con soluciones de alperujo. Se realizó siembra de las semillas de maíz por cinco días a un rango de temperatura de entre 27 °C - 30 °C en ocho placas de petri, con la cantidad de 10 semillas seleccionadas por placa. Se distribuyeron dos placas para cada tratamiento. Una solución testigo de agua destilada, y soluciones de Alperujo al 5 %, 10 % y 20 % V/V fueron tratadas mediante un riego diario de 3 ml aproximadamente de agua destilada conservando el horario de riego. Se observó una disminución en el tamaño del meristema, resultando una reducción en la longitud y el peso fresco de la raíz. El índice de germinación (IG) para el tratamiento al 5 % fue 87,5 mientras que el tratamiento del 10 % fue 122,7. El valor obtenido con el 20 % fue 18,7. Por otro lado, los valores en porcentaje de la elongación radicular (ER%) fueron al 5 % un 97,9, al 10 % un 145,7 y al 20 % un 21,6. En observaciones citológicas se observaron abundantes vesículas posiblemente de naturaleza lipídica las que provocaron un desplazamiento de la región nuclear. Hubo una evidente variación en la morfología y tamaño celular de *Zea mays* tratada con alperujo, donde se destaca la aparición de megacélulas, principalmente en el tratamiento de solución al 20 % y una disminución en el índice mitótico con ausencia de fases diferenciadas en el tratamiento del 20 % y la presencia de numerosas anomalías cromosómicas.