

CV

**CITOGENÉTICA
VEGETAL**

PLANT
CYTOGENETICS



CV 1

SILENCIAMIENTO DE REGIONES NOR EN HEXAPLOIDES DE *Andropogon* L. (POACEAE) REVELADAS POR FISH

Hidalgo M.I., E.J. Greizerstein, G.A. Norrmann. Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: mapyhidalgo@hotmail.com

A fin de inferir los procesos de diferenciación genómica ocurridos durante la estabilización de los alopoliploides del género *Andropogon*: *A. barretoii* Norrmann & Quarin ($2n=6x=60$), *A. exaratus* Hackel ($2n=6x=60$), *A. glaucophyllus* Roseng., B.R. Arrill. & Izag. ($2n=6x=60$) y *A. gerardii* Vitman ($2n=6x=60$), en este trabajo se extendieron los análisis citogenéticos aplicando la técnica de Hibridación *In Situ* Fluorescente (FISH). La sonda ADN ribosomal utilizada, se corresponde con las secuencias de ADN_r pudiendo detectar, además, otras regiones que podrían estar silenciadas o no expresarse, como organizadores nucleolares. Las preparaciones de cromosomas mitóticos se obtuvieron a partir de células meristemáticas de ápices radiculares tratadas en una digestión enzimática (celulasa-pectinasa v/v) en buffer citrato pH 4,8 a 37° C. Se eliminó el cubreobjeto por congelamiento y se conservaron 5° C. Se aplicó la técnica de FISH para revelar el número y localización de los sitios de ADN_r, aislándose una secuencia 45S de *Triticum aestivum* homóloga a la de las especies a analizar. La sonda se marcó con biotina y se detectó con Cy3 (red). Las células se fotografiaron por medio de un microscopio de fluorescencia asistido con cámara digital. En *A. barretoii*, *A. exaratus*, *A. glaucophyllus* y *A. gerardii*; se detectaron dos loci de ADN_r 45S. Estos resultados podrían estar indicando que, por un proceso de anfiplastia, con mecanismo epigenético de metilación, se silenciaron los organizadores nucleolares de una de las dos especies involucradas en la formación del poliploide; al no ser funcionales esas secuencias pudieron perderse no siendo detectadas. El empleo de la técnica de FISH, permitió, por primera vez, el mapeo físico de las regiones de ADN_r 45S en estos hexaploides evidenciando cambios cromosómicos estructurales que podrían haber participado o acompañado la evolución de estos poliploides.

CV 2

NÚMEROS CROMOSÓMICOS DE ACCESIONES DE *Paspalum* L. DEL GRUPO NOTATA

Escobar L.M.¹, A.V. Reutemann², M.C. Perichon¹, J.R. Daviña¹, J.F.M. Valls³, E.J. Martínez², A.I. Honfi¹. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN- (UNaM), Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ³EMBRAPA/CENARGEN, Brasilia, Brasil. E-mail: lucasmescobar17@gmail.com

El grupo Notata de *Paspalum* reúne alrededor de 24 especies americanas afines a *P. notatum* Flügge, con número básico $x=10$, y números cromosómicos somáticos desde $2n=20$ hasta $2n=80$. Algunas especies son monoploides y otras multiploides. El objetivo fue determinar el número cromosómico somático y el nivel de ploidía de ocho especies, 20 accesiones y 50 individuos del grupo Notata, provenientes de Argentina, Paraguay y Brasil. Los recuentos cromosómicos fueron realizados a partir de raicillas en crecimiento pretratadas con solución saturada de 1-bromonaftaleno y utilizando tinción convencional de Feulgen. El nivel de ploidía de individuos pertenecientes a una misma especie fue determinado mediante la estimación del contenido relativo de ADN por citometría de flujo con un estándar conocido. Cuatro accesiones de *P. pumilum* Nees resultaron diploides ($2n=2x=20$) y cuatro accesiones de *P. cromyrorhizon* Trinius tetraploides ($2n=4x=40$). Cinco accesiones de *P. ionanthum* Chase provenientes de Argentina, Paraguay y Brasil fueron tetraploides ($2n=4x=40$); mientras otras dos de Brasil de la misma especie fueron octoploides ($2n=8x=80$). También se registró una accesión diploide ($2n=2x=20$) de *P. nummularium* Chase, una triploide ($2n=3x=30$) de *P. subciliatum* Chase, una pentaploide ($2n=5x=50$) de *P. aff. notata*, una hexaploide ($2n=6x=60$) de *P. ellipticum* Döll y una octoploide ($2n=8x=80$) de *P. lineare* Trin., todas de Brasil. Estos resultados son congruentes con el hecho de que alrededor del 75,6% de las especies de *Paspalum* son poliploides.

CV 3

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN DEL TAMAÑO DEL GENOMA EN LA EVOLUCIÓN DEL GÉNERO *Arachis* L. (LEGUMINOSAE)

Ortiz A.M., L. Chalup, M.C. Silvestri, S.S. Samoluk, J.G. Seijo, G.I. Lavia. Instituto de Botánica de Nordeste (IBONE), Corrientes, Argentina. E-mail: ortizalejandr@gmail.com

El tamaño del genoma (TG) es un carácter clave en la biodiversidad, siendo útil en un contexto filogenético y en el análisis de los mecanismos involucrados en la evolución cromosómica. Dentro del género *Arachis* L., el cual presenta 83 especies sudamericanas, las estimaciones del contenido de ADN están delimitadas a un grupo particular de especies. Por tal motivo, se realizó la medición del contenido de ADN nuclear por citometría de flujo en especies representativas de las nueve secciones del género, y se analizó su variación en un contexto filogenético a fin de inferir los patrones de la evolución del TG en *Arachis*. Asimismo, se investigaron las asociaciones entre TG y variables cariotípicas, biológicas, geográficas y bioclimáticas a través de métodos estadísticos clásicos y filogenéticos comparativos (PGLS). El tamaño del genoma monoploide (Cx) varió entre 0,51 y 1,98 pg dentro del género. El mapeo del carácter Cx sobre el árbol filogenético basado en secuencias nucleares (ITS ADNr) permitió inferir el TG ancestral de 0,92 pg para el género y evidenció patrones evolutivos de reducción, expansión y relativa estasis del TG, siendo las especies diploides de las secciones *Extranervosae*, *Heteranthae* y *Triseminatae* las que presentan los menores tamaños. Los análisis estadísticos clásicos y PGLS mostraron asociaciones significativas entre Cx y algunas variables cariotípicas, geográficas y bioclimáticas. A partir de los datos obtenidos se discuten probables modelos de evolución del TG en el género *Arachis*.

CV 4

ESTUDIO CITOGENÉTICO Y CORRELATOS FENOTÍPICOS EN DOS POBLACIONES DE "PEPERINA DE LAS LOMAS" (*Hedeoma multiflora* Benth., LAMIACEAE)

Peralta P.A., E.J. Greizerstein, V.L. Bugallo. Instituto de Recursos Biológicos – INTA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: peralta.patricia@inta.gob.ar

El género *Hedeoma* cuenta con 38 especies, cuatro de ellas son nativas de Argentina. *Hedeoma multiflora* Benth. es una planta de gran importancia por sus propiedades medicinales y aromáticas. En el marco de un plan de mejoramiento, se estudiaron dos poblaciones aisladas entre sí, una de la provincia de La Pampa (LP) y otra de San Luis (SL). Los individuos fueron cultivados en invernáculo bajo condiciones controladas. Se realizaron recuentos cromosómicos y se analizaron caracteres fenotípicos en, por lo menos, quince individuos de cada población. Los individuos analizados presentaron número somático $2n=72$, corroborando los reportados. Los genotipos evaluados no evidenciaron diferencias en el poder germinativo, ni en los índices mitótico ni de fases. Por otro lado, se observaron diferencias en la longitud ($15,10 \pm 0,98$ y $9,86 \pm 1,34 \mu$) y ancho estomático ($4,46 \pm 0,42$ y $2,99 \pm 0,37 \mu$), en el diámetro de las glándulas contenedoras de aceite esencial ($48,03 \pm 3,63$ y $21,16 \pm 6,28 \mu$), el ancho ($4,43 \pm 0,42$ y $2,99 \pm 0,37$ mm) y área foliar ($49,14 \pm 6,77$ y $21,47 \pm 4,14$ mm), relación entrenudo/longitud de tallo ($0,84 \pm 0,08$ y $0,60 \pm 0,11$) y ancho del fruto ($1,45 \pm 0,01$ y $1,37 \pm 0,15$ mm), para las poblaciones SL y LP, respectivamente. Los datos recopilados en este trabajo serán de gran utilidad en el plan de mejoramiento.

CV 5

ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO EN ESPECIES ARGENTINAS DE *Lobivia* (CACTACEAE)

Montenegro G., M.L. Las Peñas. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), UNC-CONICET, Córdoba, Argentina.
E-mail: gonzalomontenegro13@gmail.com

Lobivia Britton *et* Rose es un género, actualmente incluido dentro de *Echinopsis* Zucc, taxonómicamente problemático y que se encuentra en revisión. Los análisis citogenéticos de los taxones del grupo son pocos. En este trabajo se analizaron citogenéticamente 15 taxones argentinos de *Lobivia*, con el objeto de caracterizarlos cromosómicamente y contribuir a esclarecer sus relaciones intragenéricas. Todas las especies analizadas resultaron diploides con $2n=2x=22$, con cromosomas pequeños y simétricos (11m). Sólo *L. pugionacantha* presentó un cromosoma submetacéntrico (10m + 1sm). Mediante el Bando Cromosómico Fluorescente CMA/DAPI se determinó la presencia de heterocromatina constitutiva asociada a regiones organizadoras nucleolares (NORs), las cuales se encontraron siempre en el primer par metacéntrico, con excepción de *L. jajoiana* var. *glauca* en la cual se ubicó en el segundo par m. A través de la técnica de Hibridación *in situ* Fluorescente (FISH), se observó que el patrón de distribución de los genes ribosómicos 18-5,8-26S se encontró asociado con las bandas CMA+/DAPI- asociadas a NORs. Además, en *L. schreiteri* var. *riolarensis* se detectó también hibridación de la sonda 18-5,8-26S en la región pericentromérica de un par cromosómico. Los sitios del gen 5S se encontraron en uno o dos pares, siempre en un cromosoma diferente al portador del locus 18-5,8-26S. Los datos citogenéticos son novedosos y en combinación permitieron detectar leves diferencias entre los taxones estudiados, pudiendo contribuir a estudios sistemáticos del grupo.