

CV

**CITOGENÉTICA
VEGETAL**



VARIACIÓN DEL TAMAÑO DE GENOMA EN CULTIVARES DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum* spp.)

García J.M.¹, L.E. Erazzú¹, R. Andrada², A. Acevedo³.

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) EEA INTA Famaillá, Tucumán, Argentina.

²Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina. ³Instituto de Suelos, INTA, Buenos Aires, Argentina.

garcia.josemaria@inta.gob.ar

Los cultivares de caña de azúcar (*Saccharum* spp.) son híbridos genéticamente complejos debido a su naturaleza alopoliploide y elevada aneuploidía. El empleo de la citometría de flujo resulta auspicioso para dilucidar la variación en el tamaño de genoma (TG) resultante de cruzamientos comerciales, y su relación con el fenotipo. Los objetivos del trabajo fueron estimar el TG en la progenie (n=75) de NA 78-724 (NA) x LCP 85-384 (LCP), biotipos de caña energía INTA 05-3116 (B1) e INTA 05-3118 (B2) y una accesión de *S. spontaneum* (SE), y evaluar la correlación entre el TG y caracteres agronómicos en la progenie. Para el ensayo de citometría se emplearon hojas de caña de azúcar y estándar interno (maíz, 2C=5,43 pg). La tinción de núcleos se realizó con yoduro de propidio y se usó *Flowing Software* para analizar las señales fluorescentes. Se midieron a campo: altura, diámetro, peso de tallos, brix, pol, rendimiento fabril, fibra y material seca. Los TG fueron 10,84 Gb, 10,55 Gb, 9,52 Gb, 9,32 Gb y 9,53 para NA, LCP, B1, B1 y SE, respectivamente. La progenie presentó un TG entre 10,2 y 11,7 Gb, con una media de 10,7 Gb. El TG se correlacionó estadísticamente con diámetro ($r=0,35^{**}$), peso de tallos ($r=0,35^{**}$), brix ($r=-0,23^{*}$), pol ($r=-0,24^{*}$) y rendimiento fabril ($r=-0,24^{*}$). Los resultados revelaron contraste en el TG de biotipos comerciales y de caña energía, así como una amplia variación en el TG en la población con presencia de genotipos transgresivos. Recuentos cromosómicos en mitosis permitirían establecer la relación entre el TG y el número de cromosomas en caña de azúcar.

PATRONES DE BANDAS DAPI/CMA3 EN ESPECIES DE *Andropogon*, GRAMINEAE

Hidalgo M.I.M.^{1,2}, E. Greizerstein^{3,4}, G. Norrmann¹.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina.

²Instituto de Botánica del Nordeste, UNNE, Corrientes, Argentina. ³Facultad de Ciencias Agrarias,

Universidad Nacional de Lomas de Zamora (UNLZ), Buenos Aires, Argentina. ⁴Instituto de Investigación

en Producción Agropecuaria, Ambiente y Salud (IIPAAS), FCA, UNLZ-CIC, Buenos Aires, Argentina.

mapyhidalgo@hotmail.com

El estudio de las regiones heterocromáticas permite reconocer la localización de secuencias de ADN altamente repetitivo, las cuales son variables entre especies, evolucionando aceleradamente y provocando cambios en la distribución y número de las bandas. La utilización de la técnica de bandeo DAPI/CMA3, aplicada por primera vez en cuatro especies del género *Andropogon* L. (*A. barretoii* Norrmann et Quarín, *A. exaratus* E. Hackel, *A. glaucophyllus* Roseng., B.R. Arrill. & Izag. y *A. gayanus* Kunth, permitió revelar 6 tipos diferentes de patrones de composición de la heterocromatina, analizando la distribución y el tamaño relativo de las bandas DAPI/CMA3. Se estudiaron preparados de cromosomas metafásicos provenientes de meristemas de ápices radiculares pre-tratados con 8-Hidroxiquinoleína (5 horas) y conservadas en 3:1 a 5 °C. En general, los cariotipos mostraron un mayor número de bandas teloméricas DAPI+/CMA+ y muy pocas CMA+/DAPI-, todas brillantes, con forma de "puntos", siendo el tamaño de todas las bandas constantes en las diferentes especies, ubicándose preferentemente en la región terminal del brazo corto. También se observaron bandas pericentroméricas, en su mayoría DAPI+/CMA+ y muy pocas DAPI+/CMA-, todas de tamaño uniforme, de tinción intensa y con forma de "puntos". Los resultados obtenidos contribuyen a caracterizar estas especies. Las células se fotografiaron mediante el uso de un microscopio de epifluorescencia Leica provisto de cámara digital. Las imágenes fueron procesadas utilizando el programa Photoshop CS5.

ANÁLISIS DE LOS PATRONES DE BANDAS C-DAPI EN ESPECIES DEL GÉNERO *Andropogon* L.

Hidalgo M.I.M.^{1,2}, E. Greizerstein^{3,4}, G. Norrmann¹.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE). ²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET), Corrientes, Argentina. ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora (UNLZ), Buenos Aires, Argentina. ⁴Instituto de Investigación en Producción Agropecuaria, Ambiente y Salud (IIPAAS), FCA, UNLZ-CIC, Buenos Aires, Argentina. mapyhidalgo@hotmail.com

La técnica de bandeo C-DAPI, aplicada por primera vez a cuatro especies poliploides del género *Andropogon* L. (*A. barretoii* Norrmann et Quarin ($2n=6x=60$), *A. exaratus* E. Hackel ($2n=6x=60$), *A. glaucophyllus* Roseng., B.R. Arrill. & Izag. ($2n=6x=60$) y *A. gayanus* Kunth ($2n=4x=40$), permitió revelar un patrón de bandas muy semejante entre estas especies, aunque con la existencia de alguna variación en cuanto a la posición y número de las mismas en cada cromosoma, pudiendo establecerse 3 tipos diferentes de patrones. Se estudiaron preparados de cromosomas metafásicos provenientes de meristemas de ápices radiculares, pre-tratados con 8-Hidroxiquinoleína durante 5 horas y conservadas en 3:1 a 5 °C. En todas las especies, la distribución de las bandas mostró señales pericentroméricas y teloméricas en la mayoría de los cromosomas. Las mismas, fueron conspicuas e intensas con forma de “puntos” en ambas cromátides. El tamaño de estas bandas fue variable en las diferentes especies incluso dentro de la misma especie. La cantidad total de heterocromatina C-DAPI varió desde 7,16% (*A. gayanus*); 17,50% (*A. glaucophyllus*); 18,26% (*A. exaratus*) y 19,20% (*A. barretoii*), del total de cada genoma. Los resultados obtenidos contribuyen a caracterizar estas especies. Las células se fotografiaron mediante el uso de un microscopio de epifluorescencia Leica provisto de cámara digital. Las imágenes fueron procesadas utilizando el programa Photoshop CS5.

OBTENCIÓN DE PLÁNTULAS MIXOPLÓIDES POR POLIPLOIDIZACIÓN SINTÉTICA DE *Habranthus brachyandrus* (BAKER) SEALY (AMARYLLIDACEAE)

Rodríguez Mata O.A.¹, A.I. Honfi¹, J.R. Daviña¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, Misiones, Argentina. orlandor761@gmail.com

Habranthus brachyandrus se cultiva con fines ornamentales en diversos países del mundo y es objeto de estudio por su potencial fitoquímico. No tiene registros de ensayos de poliploides sintéticos. El objetivo de esta investigación fue evaluar la poliploidización artificial de *H. brachyandrus* ($2n=4x=24$). Se sumergieron semillas germinadas en solución acuosa de colchicina al 0,05% y 0,1% durante 12, 24, 48 y 72 hs. Para todos los tratamientos hubo un grupo control. Se analizó la supervivencia del material durante el tratamiento y posterior proceso de rustificación y cultivo. Un año después, mediante tinción convencional de Feulgen se efectuaron análisis mitóticos en ápices radiculares de los bulbos obtenidos a partir de las semillas tratadas. Además, se analizó la progenie clonal de esos bulbos. La supervivencia de semillas disminuyó con la exposición a colchicina. El único tratamiento que indujo la formación de células con el set cromosómico duplicado fue la inmersión en colchicina al 0,1% durante 24 hs. Se reveló la coexistencia de líneas celulares tetraploides ($2n=4x=24$) y octoploides ($2n=8x=48$) en las semillas tratadas. Las plantas aún no alcanzaron la etapa reproductiva, pero produjeron bulbillos hijos que presentan la misma condición mosaico irregular. La mixoploidía es un desorden cromosómico con la presencia de dos o más líneas celulares que puede concluir en la inviabilidad de los individuos afectados, pero si este fenómeno es transmitido a la siguiente generación de modo agámico podría ampliar las posibilidades en los planes de mejora genética.

MODO DE REPRODUCCIÓN EN DIFERENTES CITOTIPOS DE *Paspalum*

Perichon M.C.¹, J.R. Daviña¹, E.J. Martínez², J.F. Valls Montenegro³, G.H. Rúa⁴, A.I. Honfi¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN, UNaM, Misiones, Argentina. ²Instituto de Botánica del Nordeste, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. ³EMBRAPA/CENARGEN, Brasilia, Brasil. ⁴Facultad de Agronomía, UBA, Buenos Aires, Argentina.
constanzaperichon@gmail.com

El 80% de las especies de *Paspalum* poseen diferentes niveles de ploidía y modos de reproducción. El objetivo fue determinar el modo de reproducción de *P. barretoii* $2n=20$, *P. unispicatum* $2n=30$, *P. vaginatum* $2n=40$, y *P. minus* $2n=50$. Se fijaron espiguillas en anthesis, se disecaron los pistilos, se diafanizaron con metilsalicilato, y se observaron los sacos embrionarios maduros mediante microscopio con dispositivo Normanski. El diploide de *P. barretoii* mostró un 78% de óvulos con sacos embrionarios meióticos (SEM) y un 22% de sacos abortados o ausentes. El triploide de *P. unispicatum* tuvo un 10% de óvulos con SEM, 79% con sacos embrionarios apospóricos (SEA) de tipo *Paspalum*, y 11% con sacos mixtos (SEM + SEA). El tetraploide de *P. vaginatum* mostró un 2% de óvulos con SEM, 44% con SEA, 26% con sacos mixtos, y 28% con ausencia de sacos. El pentaploide de *P. minus* tuvo un 37% de óvulos con sacos embrionarios diplospóricos (SED), 47% con una combinación de SED + SEA, y un 16% de sacos abortados o ausentes. *P. barretoii* diploide se reproduce en forma sexual obligada, *P. unispicatum* triploide por apomixis apospórica facultativa, *P. vaginatum* tetraploide por apomixis apospórica facultativa, y *P. minus* pentaploide por apomixis obligada con una combinación de diplosporia + aposporia. Se corroboró la relación entre nivel de ploidía y modo de reproducción en *Paspalum*, donde los diploides son sexuales y los poliploides son en general apomícticos y pueden ser obligados o facultativos, e incluso tener ambos tipos de apomixis en un mismo citotipo.