

CV

**CITOGENÉTICA  
VEGETAL**

PLANT  
CYTOGENETICS



## CV 1

## ***Andropogon ternatus* (Spreng.) Nees. UN POLIPLOIDE IMPAR PERMANENTE. ANÁLISIS GENÓMICO BASADO EN HOMOLOGÍAS CON ESPECIES DIPLOIDES DEL GÉNERO REVELADAS MEDIANTE HIBRIDACIÓN *IN SITU*.**

Hidalgo M.I.D.L.M.<sup>1</sup>, E.J. Greizerstein<sup>2</sup>, G.A. Norrmann<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>Universidad Nacional de Lomas de Zamora (UNLZ), Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Instituto de Investigación en Producción Agropecuaria, Ambiente y Salud (IIPAAS, FCA, UNLZ-CIC), Buenos Aires, Argentina. E-mail: mapyhidalgo@hotmail.com

*Andropogon* L. (Poaceae), presenta diferentes niveles de ploidía, postulándose para las especies poliploides un origen híbrido alopoloide en cuya formación estaría involucrado el genoma S presente en los diploides actuales. Aún existen interrogantes sobre los taxones que lo originaron, su evolución y posibles progenitores. Se realizaron experiencias de GISH para analizar las relaciones evolutivas dentro del género y revelar posibles afinidades genómicas existentes entre *A. ternatus* y probables ancestros diploides: *A. selloanus*, *A. macrothrix* y *A. gyrans* analizando la presencia del genoma S discutiendo la hipótesis de Norrmann & Quarin (1987) propuesta para la estabilización del poliploide. El sudamericano *A. ternatus*, es perenne, triploide  $2n=30$ , sexual, con un comportamiento meiótico llamativo. Basado en la obtención de híbridos ( $3x$ ) interespecíficos por cruzamientos controlados entre el triploide y *A. selloanus*, se seleccionó a éste como sonda de ADN<sub>g</sub> para experiencia de GISH. La hibridación con *A. selloanus* (SS) reveló 20 cromosomas de *A. ternatus* con señales intensas y uniformes en cromosomas enteros y dispersas y variables en otros; no hibridando 10 cromosomas. La doble hibridación con *A. macrothrix* (SmSm) y *A. gyrans* (SgSg) mostró señales de hibridación en 20 cromosomas de *A. ternatus*, revelando homología de estas sondas en brazos y cromosomas enteros; no hibridando 10 cromosomas. Estos resultados sugieren la afinidad del  $3x$  con los  $2x$  sudamericanos, compartiendo alguna variante del genoma S, y la existencia de otro genoma, por lo que validarían la hipótesis propuesta.

## CV 2

## **NÚMEROS CROMOSÓMICOS, MORFOLOGÍA Y FERTILIDAD DE LA PROGENIE DE UN INDIVIDUO TRIPLOIDE DE *Paspalum indecorum* Mez.**

Rosas Ríos M.P.<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>1</sup>, J.R. Daviña<sup>1</sup>, A.C. Gianini<sup>1</sup>, E.J. Martínez<sup>2</sup>, A.V. Reutemann<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQYN- (UNaM), Posadas, Misiones, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: vreutemann@gmail.com

*Paspalum indecorum* es una especie con un citotipo diploide ( $2n=2x=20$ ) sexual y autoestéril, y un citotipo triploide ( $2n=3x=30$ ), recientemente reportado en la naturaleza, que es apomítico facultativo. Los objetivos fueron determinar el número cromosómico de la progenie resultante de la polinización abierta de un individuo triploide de *P. indecorum*, e identificar diferencias morfológicas y de fertilidad entre niveles de ploidía. Los recuentos cromosómicos se realizaron en raicillas en crecimiento que fueron pretratadas con una solución saturada de 1-bromonaftaleno y teñidas mediante la técnica de Feulgen. Se midió la longitud y ancho de lámina foliar, para determinar posibles diferencias entre la progenie diploide y triploide. Se determinaron los valores medios de producción de semillas por planta, y se calculó el índice de fertilidad en condiciones de polinización abierta. La ploidía de los individuos resultantes se determinó mediante la estimación del contenido relativo de ADN a través de citometría de flujo, utilizando un estándar interno con número cromosómico conocido. Se analizaron un total de 23 progenies, de las cuales 17 fueron diploides ( $2n=2x=20$ ), seis triploides ( $2n=3x=30$ ) y una planta presentó un complemento aneuploide con  $2n=34$  cromosomas. Solo se encontraron diferencias significativas en el ancho de la lámina foliar ( $p<0,0001$ ), siendo este mayor en los individuos triploides. Se observó que la progenie triploide presenta una fertilidad baja probablemente debido a su condición de poliploide impar.

### CV 3

## NIVEL DE PLOIDÍA EN LÍNEAS AVANZADAS DE TRICEPIRO

González Airas V.<sup>1</sup>, E.A. Castillo<sup>1,2</sup>, M.F. Grossi Vanacore<sup>1,2</sup>, H.E. Di Santo<sup>1,2</sup>, L.E. Aguirre<sup>1,2</sup>, F.N. Orozco<sup>1</sup>, S. Vargas<sup>1</sup>, E.M. Grassi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), UNRC-CONICET, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: ecastillo@ayv.unrc.edu.ar

Las cadenas forrajeras en base a pasturas perennes puras o consociadas presentan un déficit invernal en la producción forrajera, que es subsanado con la utilización de verdes invernales. Los híbridos intergenéricos de tritíceas presentan potencial para competir con cereales tradicionales. El objetivo del trabajo fue determinar y comparar niveles de ploidía en líneas avanzadas de tricepiros. Se utilizaron tres líneas F<sub>10</sub> obtenidas a partir de tres cultivares de triticales como progenitores femeninos: Cayú-UNRC, Yagán-INTA y Yavú-UNRC (todos 2n=6x=42), y dos trigopiros como progenitores masculinos, Don Noé-INTA (2n=8x=56) y SH16-INTA (2n=6x=42). Las cruza fueron: Cayú x SH16, Yagán x Don Noé, Yavú x SH16. Para cada una de ellas se cuantificó cantidad de bivalentes de al menos 45 meiocitos por individuo. Se realizaron comparaciones mediante pruebas no paramétricas de las cruza, los progenitores femeninos y masculinos. El nivel de ploidía de las líneas resultó 6x con un 2n=42. No se observaron diferencias significativas en los niveles de ploidía entre las cruza, tampoco entre los progenitores femeninos ni entre los masculinos. A pesar de esto, Yavú x SH16/14 (20,73±0,54) es la cruza con mayor cantidad de meiocitos euploides y Yagán x Don Noé/A18 (20,69±0,96) la de menor. Coincidiendo con lo esperado, la cruza con el trigopiro octoploide Don Noé presentó un alto porcentaje (55,1%) de meiocitos aneuploides (rango de 18 a 22 bivalentes/célula). Los resultados del trabajo contribuyen con la descripción y caracterización de materiales, según los estándares INASE.

### CV 4

## REPORTE DE CITOMIXIS EN *Oxalis adenophylla* Gillies ex Hook. & Arn. (*Oxalis* SECCIÓN PALMATIFOLIAE)

Bonasora M.G.<sup>1</sup>, A. Lopez Méndez<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Botánica Sistemática, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires (FAUBA), CABA, Argentina; <sup>2</sup>CONICET - Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (FCA - UNMDP), Buenos Aires, Argentina. E-mail: alilopezmendez@gmail.com

El género *Oxalis* L. es cosmopolita e incluye 67 especies que habitan Argentina. Es uno de los géneros con mayor variación en el número de los cromosomas entre las plantas. Los números básicos descriptos entre especies, variedades y subespecies son x= 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 y 13. El número básico ancestral de *Oxalis* sería x= 7 siendo el resto derivados de éste por diferentes reordenamientos estructurales. La citomixis ha captado interés debido a los mecanismos celulares desconocidos que subyacen a la migración de los núcleos y su potencial importancia evolutiva, ya que puede llegar a ser transferido material genético entre las células que dan origen al polen. Se analizaron las meiosis de tres accesiones de *O. adenophylla* (2n=4x=28), provenientes de poblaciones naturales, empleando técnicas de tinción clásica. Se observó presencia de citomixis en el estado de meiosis II, previo a la formación de la tétrade. En *Oxalis*, la alternancia de interfases normales con divisiones irregulares, junto a la citomixis, podría condicionar la diversidad de reportes para el número de cromosomas y constituir uno de los probables mecanismos de poliploidización, por lo que su estudio resulta de interés en el contexto de la taxonomía integrativa.

## CV 5

## DIVERSITY OF THE REPETITIVE DNA FRACTION IN *Solanum betaceum* Cav. (SOLANACEAE)

Sader M.<sup>1</sup>, M. Vaio<sup>2</sup>, M. Jaramillo Zapata<sup>3</sup>, A. Trenchi<sup>1</sup>, F. Chiarini<sup>1</sup>, A. López<sup>4</sup>, J. Urdampilleta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IMBIV-Conicet, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Laboratorio de Evolución y Domesticación de las Plantas, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; <sup>3</sup>Universidad de San Pablo-T, Tucumán, Argentina; <sup>4</sup>CONICET-Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Argentina. E-mail: msader@imbiv.unc.edu.ar

Tree tomato (*Solanum betaceum* Cav.) is native to the Andean region (between 600 and 3,200 m a.s.l.) of South America and is found today in a semi-wild state in northwestern Argentina. It is popular in this region for its consumption in juices and as fresh fruit. Wild fruits can be collected almost all year round, which constitutes an important supplement to balance the necessary nutrients in the diet, having highly valued properties. However, in Argentina the tree tomato is rarely used. *Solanum betaceum* has  $2n=24$  chromosomes, and a large genome size ( $2C = 23$  pg). To understand the repetitive fraction composition in this species, we analyzed the repetitive genome fraction using Repeat Explorer and localized the most abundant repeats by Fluorescence *In Situ* Hybridization (FISH). The *Solanum betaceum* genome (with 75% of repeats) showed high proportions of the LTR-retrotransposon Ty3/gypsy-Tekay (54%) followed by Ty3/gypsy-Athila (7.5%). Satellites abundance represents 0.85% of the repetitive fraction with seven different families. The most abundant satellites, SbeSat1 and SbeSat2, were mapped on mitotic chromosomes and revealed a subtelomeric and pericentromeric distribution, sometimes colocalized with heterochromatic CMA<sup>+</sup> bands. Consistent with previous studies in other Solanaceae species, *S. betaceum* showed an accumulation of repetitive DNA sequences, especially retrotransposons, but a relative low abundance of satDNA.

## CV 6

## B CHROMOSOMES AND THEIR REPETITIVE DNA COMPOSITION IN *Cestrum nocturnum* (SOLANACEAE)

Maldonado L.<sup>1</sup>, K. Yi-Tzu<sup>2</sup>, M. A. Sader<sup>1</sup>, J. D. Urdampilleta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, CONICET, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben, Germany. E-mail: lmaldonado@imbiv.unc.edu.ar

B chromosomes (Bs) are additional components of the genome found in more than 15% of plant species. They are made up mostly of non-coding repetitive DNA, and their presence can affect the phenotype, being unfavorable in high number. In *Cestrum nocturnum* L., the number of Bs varies from 0 to 13, between and within individuals, possibly due to meiotic and/or mitotic instability. To understand the repetitive composition of Bs, the genome of two individuals of *C. nocturnum* were sequenced, one with Bs and other one without Bs. The results of the analysis showed that almost 60% of the genome is made up of repetitive DNA and those families of repetitive DNA with a proportion greater than 0,540% were considered enriched in the sample with Bs. The results of a comparative analysis between the two genomes showed that Bs of *C. nocturnum* are mostly enriched in satellite repeats, rDNA and Ty3-gypsy transposable elements, which are probably derived from A complement repeat sequences. Within the repetitive DNA enriched in the sample with Bs, we found transposable elements Ty3-gypsy/Tekay (CL283-0,558%) and Ty3-gypsy/Retand (CL251-0,541%), satellite DNA (Cnoc\_sat01\_32-0,550%, Cnoc\_sat03\_78-0,549%, Cnoc\_sat04\_180-0,546%, Cnoc\_sat07\_51-0,547% and Cnoc\_sat10\_48-0,557%) and ribosomal DNA 35S (CL117-0.548% and CL216-0.544%) and 5S (CL218 0.571%). The distribution of the Bs-enriched repeats were compared in A and B chromosomes by FISH mapping, with probes labeled directly (FITC and TRICT). The neutral nature of Bs could be one of the basic principles of the accumulation of repetitive sequences in the genome.

## CV 7

### COMPARACIÓN CITOGÉNICA ENTRE HÍBRIDOS DE LA SECCIÓN *Denticulatae* (*Cuscuta* L. - CONVULVACEAE)

Ibiapino A.<sup>1</sup>, M. Costea<sup>2</sup>, M.Á. Gracia<sup>3</sup>, J. Urdampilleta<sup>1</sup>, A. Pedrosa-harand<sup>4</sup>, S. Stefanović<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Departamento de Biología de la Universidad Wilfrid Laurier, Waterloo, ON, Canadá; <sup>3</sup>Real Jardín Botánico-CSIC, Madrid, España; <sup>4</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución Vegetal, UFPE, Recife, Brasil; <sup>5</sup>Departamento de Biología de la Universidad de Toronto Mississauga, Mississauga, ON, Canadá. E-mail: amalia\_ibiapino@hotmail.com

El género *Cuscuta* (Convolvulaceae) presenta numerosos casos de alopoliploides. La sección *Denticulatae* está compuesta por cuatro especies, *C. denticulata* y *C. nevadensis* con  $2n=30$ , y *C. veatchii* y *C. psorothamnensis* con  $2n=60$ . Ambos poliploides tienen un origen híbrido producto del cruce entre diploides, diferenciándose en su preferencia por distintos hospedantes y en su distribución geográfica. Con el objetivo de comparar citogenéticamente *C. psorothamnensis* y *C. veatchii*, en el presente trabajo utilizamos técnicas como CMA/DAPI, FISH y GISH en el complemento cromosómico de *C. psorothamnensis* para compararlo con los datos publicados de *C. veatchii*. Observamos que el cariotipo de *C. psorothamnensis* es similar al de *C. veatchii*, tanto en el número y tamaño cromosómico, como en la organización de los núcleos en interfase. Sin embargo, en *C. psorothamnensis* encontramos una pequeña variación numérica entre los sitios de ADNr 5S; algunos individuos con cuatro sitios y otros con seis como en *C. veatchii*. Estos resultados sugieren que: 1) el par cromosómico portador de ADNr 5S y 35S adyacentes proviene de *C. denticulata*; 2) hay pérdida de sitios de ADNr de *C. nevadensis* en el cariotipo tetraploide, como ocurrió en *C. veatchii*; y 3) *C. psorothamnensis* y *C. veatchii* serían parte de un complejo de especies alopoliploide originado independientemente de la hibridación entre *C. denticulata* y *C. nevadensis*, en diferente espacio y tiempo. Esta comparación citogenética nos permite comprender mejor los eventos evolutivos posteriores a la hibridación y cómo contribuyeron a la formación de nuevas especies.

## CV 8

### NÚMERO CROMOSÓMICO Y ANÁLISIS DEL POLEN DE *Aechmea distichantha* Lem. DE MISIONES (BROMELIACEAE)

Juncos J.A.<sup>1,2</sup>, J.R. Daviña<sup>1,2</sup>, A. Levraux<sup>2</sup>, A.I. Honfi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN-UNaM, Misiones, Argentina; <sup>2</sup>Centro de Investigación y Producción Jardín Botánico Alberto Roth UNaM, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: adrianjuncos.cs@gmail.com

El género *Aechmea* es uno de los más diversos entre bromelias, con 276 especies; en Misiones habitan cuatro y, entre ellas, *Aechmea distichantha* Lem. con dos variedades. Es una bromelia de tanque, ampliamente distribuida en Sudamérica, y posee importancia ornamental y ecológica debido a que se comporta como epífita pionera. El objetivo del trabajo fue determinar el número cromosómico y evaluar la viabilidad y germinación *in vitro* del polen de accesiones de Misiones. Los ejemplares testigo se depositaron en el herbario MNES. Los recuentos cromosómicos mitóticos se realizaron en ápices radiculares pretratados con solución saturada de 1-bromonaftaleno y utilizando la tinción de Feulgen. La viabilidad del polen se determinó con carmín glicerina al 2%. La germinación *in vitro* se analizó en polen sembrado en medio de cultivo, en cámara húmeda durante 24h. Todas las accesiones resultaron diploides con  $2n=50$  cromosomas. La viabilidad promedio del polen fue de  $98,4 \text{ um} \pm 0,38$  con un diámetro promedio de  $53,3 \text{ um} \pm 0,61$ . La germinación promedio *in vitro* del polen alcanzó  $96,1 \text{ um} \pm 1,04$  con una longitud promedio del tubo polínico de  $172,8 \text{ um} \pm 6,7$ . Por primera vez se presenta la caracterización cromosómica y la fertilidad del polen obtenida de *A. distichantha* de Misiones.