

## CV 1

## CITOGÉNÉTICA MOLECULAR: HERRAMIENTA ESCENCIAL EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ESPECIES ORNAMENTALES

Barba-Gonzalez R.<sup>1</sup>, E. Tapia-Campos<sup>1</sup>, T.Y. Lara-Bañuelos<sup>1</sup>, V. Cepeda-Cornejo<sup>1</sup>, J.R. Daviña<sup>2</sup>, L.L.E. Zappani<sup>2</sup>, M. Navarro<sup>2</sup>, A.I. Honfi<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Biotecnología Vegetal (CIATEJ-CONACYT). <sup>2</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, (IBS-CONICET-UNaM), Universidad Nacional de Misiones. E-mail: rbarba@ciatej.mx

El mejoramiento genético de especies ornamentales requiere la obtención de variabilidad genética. La hibridación interespecífica se utiliza para transmitir características deseadas de una especie a otra. En el género *Eustoma* (Gentianaceae) se realizaron cruza interespecíficas para transferir características entre *E. grandiflorum* y *E. exaltatum*, obteniendo así híbridos sobresalientes. Se realizaron estudios citogenéticos para conocer el nivel de ploidía empleando la técnica de FISH. Adicionalmente a las sondas usadas tradicionalmente, se desarrollaron sondas de elementos transponibles y de ADN ribosomal específico a las especies. Las sondas permitieron corroborar el número cromosómico de  $2n=2x=72$  para ambas especies, mostrando 4 señales de hibridación, 2 para el 5S y 2 para el 45S. Se identificó un mayor número de cromosomas al utilizar las sondas de elementos transponibles, siendo 8 sitios con Ty3-gypsy en ambas especies, 8 sitios con LINE y 8 sitios con Ty1-copia en *E. exaltatum*. Se utilizó el ADN ribosomal en citotipos de especies de la Familia Amaryllidaceae, corroborando así el número cromosómico de *Zephyranthes mesochloa*  $2n=2x=12$ , el cual mostró 4 señales de hibridación, 2 para el 45S y dos para el 5S ribosomales. En el caso de *Z. seubertii* ( $2n=4x=20$ ), existen 12 señales de hibridación del 45S. Cabe denotar que el ADN ribosomal en estas especies se encuentra en la región telomérica. En el caso de *Sprekelia formosissima* ( $2n=60$ ) se detectaron 4 señales teloméricas del 45S y 4 señales centroméricas del 5S, lo cual podría indicar que se trata de un citotipotetraploide.

## CV 2

## ABERRACIONES MEIÓTICAS EN *Chrysolaena flexuosa* (SIMS) H. ROB.: INDICIOS DE HIBRIDACIÓN Y POLIPLOIDIZACIÓN SEXUAL EN EL COMPLEJO LEPIDAPLOA

Echeverría M.L.<sup>1</sup>, E.L. Camadro<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Fac. Cs. Agrarias, UNMdP. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET). <sup>3</sup>EEA INTA Balcarce. E-mail: echeverria.marialis@inta.gob.ar

El complejo *Lepidaploa* (Vernonieae, Asteraceae) reúne especies taxonómicas americanas con números cromosómicos básicos  $x=10, 14, 15$  y  $16$  y citotipos diploides y poliploides. En una de ellas, *Chrysolaena flexuosa* ( $x=10$ ), para la que se han informado citotipos  $2x, 4x$  y  $6x$ , no hay información sobre viabilidad polínica ni comportamiento meiótico en los poliploides. Por eso, en 15-21 plantas de siete introducciones de Argentina (dos  $2x$ , una  $4x$  y cuatro  $6x$ ) se estimó el tamaño y la viabilidad del polen por tinción con carmín acético y glicerol. También se analizaron, en 1-3 plantas/introducción, estadios de la meiosis en botones florales fijados en alcohol 96 %: ácido acético glacial (3:1, v/v), coloreados con carmín acético. El porcentaje de polen viable varió de 63 a 92 % entre introducciones, siendo las  $2x$  y  $4x$  las más variables y con los menores porcentajes de viabilidad polínica. El diámetro del polen varió de menor hasta mayor al normal ( $n$ ) esperado. Todas las introducciones, principalmente las  $2x$ , presentaron aberraciones cromosómicas (cromosomas rezagados y puentes anafásicos) en meiosis I, cromosomas fuera de placa y husos paralelos en meiosis II, y tríadas y tétradas anormales en estadio de tétrada. Las anomalías observadas en meiosis I son indicios de diferenciación cromosómica estructural, lo que permitiría inferir un posible origen híbrido de las plantas estudiadas. La disposición anormal de los husos en Telofase II podría originar, bajo control genético, polen  $2n$  funcional y explicar la abundancia de poliploides en el complejo por poliploidización sexual.