

SEPTIEMBRE 2019

Suplemento

VOLUMEN 54

Boletín de la
Sociedad Argentina de
BOTÁNICA

XXXVII JORNADAS ARGENTINAS de
BOTÁNICA

Tucumán, 9-13 septiembre 2019



ISSN 0373-580X Córdoba, Argentina

Calderón F.¹, Inza M. V.^{2,3}, Soldati M. C.^{2,4} y Morales M.^{1,2,4}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).² Instituto de Recursos Biológicos, CIRN – CNIA, INTA.³ Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.⁴ Facultad de Agronomía y Ciencias Agroalimentarias, Universidad de Morón

Mimosa bifurca es una especie arbustiva que crece en el nordeste de Argentina, sur de Brasil, este de Paraguay y norte de Uruguay. Si bien presenta una amplia distribución, sus poblaciones están distanciadas entre sí y ocupan superficies restringidas. Presenta flores rosadas reunidas en amplios racimos de cabezuelas que le confieren atractivo y valor ornamental. No existen hasta el momento marcadores moleculares desarrollados para la especie. En este sentido, estudios genéticos con marcadores transferidos desde especies filogenéticamente cercanas serían de utilidad para evaluar la variabilidad genética de las poblaciones remanentes y su uso potencial en floricultura. Se evaluó la transferibilidad hacia *M. bifurca* de 21 microsatélites (SSR), 10 de ellos desarrollados en distintas especies del género *Prosopis* y 11 en *M. scabrella*, utilizando de 8 a 16 individuos de poblaciones de *M. bifurca* en Argentina (Misiones), Uruguay y Brasil. De los 21 primers ensayados, 8 transfirieron exitosamente (3 desde *Prosopis* spp. y 5 desde *M. scabrella*), siendo 4 de ellos polimórficos, 2 de *Prosopis* spp. y 2 de *M. scabrella*, con un total de 6 y 7 alelos, respectivamente. Los resultados son consistentes con la mayor distancia filogenética que existe entre los marcadores provenientes de otro género respecto a los desarrollados en el género *Mimosa*. Estos marcadores resultan potencialmente informativos para futuros estudios poblacionales de *M. bifurca* con fines de conservación y mejora sobre su potencial ornamental.

EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA DE LA SUBTRIBU PHYSALIDINAE (PHYSALIDEAE, SOLANACEAE). Chromosomal evolution of the subtribe Physalidinae (Physalideae, Solanaceae)

Chiarini F.E.^{1,2}, Rodriguez J.² y Deanna R.^{1,3,4}

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IM-BIV), CONICET and Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. ²Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. ³Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. ⁴University of Colorado at Boulder, Colorado, United States

Solanaceae Juss. es una familia cosmopolita que posee 90-100 géneros y 2.400-3.000 especies. La tribu con mayor diversidad genérica es Physalideae, la cual comprende alrededor de 30 géneros y más de 200 especies, y tiene por número básico $X = 12$ (excepto *Quincula* Raf. con $X = 11$). A través de la comparación del cariotipo de diferentes taxones se pueden conocer patrones y mecanismos de evolución que se relacionan con procesos de diversificación. Sin embargo, la mayor parte de la información citogenética disponible en Physalideae está restringida a reportes de números cromosómicos y a estudios meióticos. Este trabajo tiene por objetivos: (i) caracterizar cromosómicamente a los géneros de la subtribu Physalidinae e (ii) inferir patrones evolutivos de caracteres cromosómicos sobre una filogenia molecular. Se registró información cariotípica para 42 especies, incluyendo 18 reportes nuevos. Se analizaron número cromosómico, nivel de ploidía y fórmula cariotípica mediante técnicas de citogenética clásica. Sobre una filogenia molecular se aplicaron métodos comparativos filogenéticos usando el programa ChromEvol. De las especies analizadas, la mayor proporción (79 %) son diploides y el resto poliploides. Se reconstruyó un ancestro común diploide para la subtribu, y se estimaron 5 a 6 eventos de poliploidía, más un evento de aneuploidía en el caso del género monotípico *Quincula*. Si bien el número básico $X = 12$ es constante en casi todo Physalidinae, se encontraron numerosos eventos independientes de poliploidía dentro del grupo, lo cual puede relacionarse con