

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

## CITOLOGÍA, BIOLOGÍA MOLECULAR Y GENÉTICA

**CARACTERIZACIÓN DE UN HÍBRIDO NATURAL *BEGONIA BOLIVIENSIS* × *B. MICRANTHERA* (BEGONIACEAE) MEDIANTE ESTUDIOS CITOGENÉTICOS Y DE LA SECUENCIA ITS2.** Characterization of a natural hybrid *Begonia boliviensis* × *B. micranthera* (Begoniaceae) through cytogenetic studies and ITS2 sequence

Andrada A.R.<sup>1</sup>, Silenzi Usandivaras G.M.<sup>1,2</sup>, Páez V. de los A.<sup>1</sup>, Albornoz P.L.<sup>1,2</sup> y Vellicce G.R.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Fundación Miguel Lillo, Tucumán. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT). <sup>3</sup>Secretaría de Innovación y Desarrollo Tecnológico de Tucumán

*Begonia* L. comprende 1.600 especies con gran interés comercial como plantas ornamentales. *Begonia boliviensis* A. DC. habita en el noroeste argentino entre los 700-3.000 ms.n.m. y comparte su hábitat con *B. micranthera* Griseb., taxón que crece entre los 400-3500 ms.n.m. En 2016, nuestro grupo de trabajo descubrió en las Sierras de Calilegua (Jujuy), un híbrido natural *Begonia boliviensis* × *B. micranthera* con llamativos tépalos color anaranjado pálido a escarlata, androceo más cortos que los de *B. boliviensis*, pero más estrechos que los de *B. micranthera*. El objetivo fue estudiar el comportamiento meiótico, evaluar la fertilidad potencial del polen y caracterizar la secuencia ITS2 de este híbrido con alto potencial horticultural. Para el análisis de la meiosis y viabilidad del polen se aplicaron técnicas citogenéticas convencionales. Se obtuvo ADN total a partir de hojas mediante kit de extracción Quiagen DNeasy. Las secuencias ITS2 se amplificaron

utilizando los primers ITS-2F 5'(ATGCGA-TACTTGGTGTGAAT-)3', ITS4-R 5'(TC-CTCCGCTTATTGATATGC)3' y protocolos de PCR estándares. Este híbrido exhibió n=13II, 87% de meiocitos regulares, irregularidades en ambas divisiones (de tipo asociaciones secundarias, puentes de cromatina y cromosomas fuera de placa) y 45% de granos de polen viables. Su secuencia ITS2 de 306 nucleótidos muestra mayor identidad (83%) respecto a *B. micranthera* y los sitios 1-119 presentaron las mayores disimilitudes. Los resultados indican un híbrido con meiosis estable, capaz de transmitir sus genes vía granos de polen (aunque con baja fertilidad potencial) y que *B. micranthera* es el ancestro de su fragmento ITS2, haciendo posible su identificación mediante esta secuencia barcoding.

**FILOGENIA MOLECULAR EN EL GÉNERO *ADESMIA* (FABACEAE) EN BASE AL MARCADOR MOLECULAR ITS2.** Molecular phylogeny of the genus *Adesmia* (Fabaceae) based on ITS2 molecular marker

Andrada A.R.<sup>1</sup>, Martín E.<sup>1,2</sup>, Silenzi Usandivaras G.M.<sup>1,2</sup>, Moreno Ruiz Holgado M.M.<sup>1,3</sup>, Páez, V.A.<sup>1</sup> y Caro M.S.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Genética, Fundación Miguel Lillo, San Miguel de Tucumán, Argentina. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias naturales e I.M.L. San Miguel de Tucumán, Argentina. <sup>3</sup>Unidad Ejecutora Lillo (UEL-CONICET), San Miguel de Tucumán, Argentina

*Adesmia* DC. (Fabaceae) cuenta con 240 especies ampliamente distribuidas en Chile, Argentina, Bolivia, Perú y Sur de Brasil. En Ar-

Argentina está representado por 100 especies, agrupadas en 45 series y dos subgéneros: *Adesmia* Burk. (inermes) y *Acanthadesmia* Burk. (espinosas). El género *Adesmia* ofrece interés económico por presentar especies herbáceas, forrajeras en praderas naturales y regiones semiáridas y especies leñosas, arbustivas o en cojines de la alta cordillera, que son utilizadas con fines medicinales, fuente de combustible y forraje de ganado. Taxonómicamente, se considera un género complejo con numerosas sinonimias, debido al gran polimorfismo en los caracteres vegetativos y reproductivos y a su amplia distribución. El objetivo del presente estudio fue establecer las relaciones filogenéticas en el género *Adesmia* mediante el marcador molecular ITS2. Se utilizaron secuencias propias y disponibles en GenBank de 14 series. Los análisis de Máxima Verosimilitud y Máxima Parsimonia revelaron que el subgénero *Adesmia* está fragmentado en dos grupos: uno monofilético (denominado BMLP) conformado por 4 series, y el segundo parafilético basal, (denominado ABGLLP), integrado por seis series. Se recuperó el subgénero *Acanthadesmia* como grupo parafilético formado por 4 series (denominado CGMS). Estos estudios apoyan la teoría de Burkart (1967) quien infiere que las adesmysias “herbáceas” e inermes podrían haber sido ancestrales dando lugar a taxones leñosos y espinosos. El incremento de secuencias ITS2 y otras similares disponibles, podrán arrojar mayor luz sobre las relaciones filogenéticas y evolutivas del género *Adesmia*.

**VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y GENÉTICA PARA TOLERANCIA A SALINIDAD EN CUATRO ESPECIES DE AMARANTO (*AMARANTHUS* SSP.).** Phenotypic and genetic variability for tolerance to salinity in four amaranth species (*Amaranthus* ssp.)

Barca H.J.<sup>1</sup>, Collado M.B.<sup>1</sup>, Aulicino M.B.<sup>1</sup>, Noeltling M.C.<sup>1</sup> y Molina, M.del C.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP, Buenos Aires.

<sup>2</sup>CONICET

El cultivo de amaranto genera un interés creciente en la agricultura. La salinidad es uno de los factores abióticos de estrés de mayor importancia. Nuestro objetivo fue identificar variabilidad genética para tolerancia a salinidad en variedades de 4 especies de Amaranto. Se evaluaron 19 genotipos, en 3 niveles de salinidad: 0, 50 y 100 Mm de NaCl, en germinación y plántula bajo condiciones controladas (25°C y 12 hs de luz). Se utilizó un diseño completamente aleatorizado con 3 repeticiones. Las semillas se sembraron en papel absorbente (30 semillas por tratamiento). Las variables evaluadas fueron: velocidad de germinación a 72 hs (VG), altura de la plántula (AP), largo de la raíz (LR), peso fresco (PF) y peso seco (PS), medidos a los 10 días. Mediante la descomposición de los cuadrados medios (CM) del análisis factorial (Genotipos aleatorios y Tratamientos fijos) se obtuvieron varianzas genéticas, ambientales y heredabilidad. Se aplicaron técnicas numéricas para clasificar genotipos por tratamiento. Los ANOVAS demostraron diferencias altamente significativas entre “Genotipos” (G) para el LP, LR PS y VG y al 5% para PF. Soló PS no mostró diferencias significativas para tratamientos (T). La interacción “G×T” fue altamente significativa para LP y LR y significativa para PF. El coeficiente de variación fenotípico, la varianza genética y la heredabilidad fueron mayores a 100Mm en LP, PF y VG. Las variables de biomasa fueron las de mayor peso discriminante. El agrupamiento en ambos tratamientos salinos permitió identificar genotipos con diferente grado de tolerancia a salinidad.

**TRANSFERENCIA DE MARCADORES MICROSATÉLITES DESDE ESPECIES DEL GÉNERO *PROSOPIS* Y *MIMOSA SCABRELLA* A *MIMOSA BIFURCA* CON POTENCIAL USO EN ESTUDIOS GENÉTICOS POBLACIONALES.** Transference of microsatellite markers from species of genus *Prosopis* and *Mimosa scabrella* to *Mimosa bifurca* with potential use in population genetics studies