

ESTUDIOS CITOGENÉTICOS Y MORFO-ANATÓMICOS COMPARATIVOS ENTRE DIPLOIDES Y POLIPLOIDES DE *SOLANUM ELAEAGNIFOLIUM* (SOLANACEAE)

COMPARATIVE CYTOGENETIC AND MORPHO-ANATOMICAL STUDY AMONG DIPLOIDS AND POLYPLOIDS OF *SOLANUM ELAEAGNIFOLIUM* (SOLANACEAE)

Miguel Mancini¹, Franco Chiarini^{1,2*}, Ana Calviño² y Laura Stiefkens^{1,2}

1. Cátedra de Morfología Vegetal, Fac. Cs. Exactas, Físicas y Nat., UNC.
2. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, CONICET-UNC. Córdoba. Argentina

*chiarini@imbiv.unc.edu.ar

Citar este artículo

MANCINI, M., F. CHIARINI, A. CALVIÑO & L. STIEFKENS. 2021. Estudios citogenéticos y morfo-anatómicos comparativos entre diploides y poliploides de *Solanum elaeagnifolium* (Solanaceae). *Bol. Soc. Argent. Bot.* 56(2): 1-19. Versión en línea.

DOI: <https://doi.org/10.31055/1851.2372.v56.n2.32517>

SUMMARY

Background and aims: *Solanum elaeagnifolium*, morphologically variable, multiplies sexually and asexually and is invasive worldwide. In Argentina there are natural diploid, tetraploid and hexaploid populations. It presents three clearly separated genetic lineages, two in South America with polyploid populations and a third with only diploids in North America and invaded areas. Our aim is to detect relationships among ploidy levels, lineages and provenance with morphological features of the plants and climatic variables.

M&M: Chromosomal preparations and measurements of epidermal, floral and seed features were made in 2x, 4x and 6x individuals from different lineages and geographic origin. The mean values obtained were compared by statistical tests and the global similarity assessed by multivariate analyses.

Results: Only number of stomata and seed mass were significantly different between ploidy levels: the tetraploids have fewer stomata and heavier seeds. The remaining morphoanatomical variables contribute to the global differentiation of cytotypes, although the means did not vary proportionally with increasing ploidy. Mean annual rainfall contributes to the separation of cytotypes, the western distribution of tetraploids coinciding with the arid diagonal in Argentina.

Conclusions: The differences in the tetraploids cannot be attributed to a polyploidization effect. The global pattern of data could be explained by multiple independent origins of polyploidy, phenotypic plasticity, and environmental pressures.

KEY WORDS

Phenotypic plasticity, polyploidy, seed mass, *Solanum elaeagnifolium*, stomata.

RESUMEN

Introducción y objetivos: *Solanum elaeagnifolium*, morfológicamente variable, se multiplica sexual- y asexualmente y es invasora en distintas partes del mundo. Se desconoce su rango de origen y como se propagó fuera de él. En Argentina existen poblaciones naturales diploides, tetraploides y hexaploides. Presenta tres linajes genéticos claramente distanciados, dos en Sudamérica con poblaciones poliploides y un tercero solo con diploides en América del Norte y áreas invadidas. Nuestro objetivo es detectar relaciones entre nivel de ploidía, linaje y procedencia con características morfológicas de las plantas y variables climáticas.

M&M: Se realizaron preparados cromosómicos y mediciones de caracteres de epidermis, flor y semilla, en individuos 2x, 4x y 6x de diferente linaje y origen geográfico. Se compararon los valores medios obtenidos mediante tests estadísticos y la similitud global se evaluó mediante análisis multivariados.

Resultados: Únicamente número de estomas y masa de semillas resultaron significativamente diferentes entre niveles de ploidía: los tetraploides presentan menor número de estomas y semillas más pesadas. Las restantes variables morfoanatómicas contribuyen a la diferenciación global de los citotipos, aunque las medias no variaron proporcionalmente con el aumento de ploidía. La precipitación media anual contribuye a la discriminación entre citotipos, coincidiendo la distribución occidental de los tetraploides con la diagonal árida en Argentina.

Conclusiones: Las diferencias en el tetraploide no pueden atribuirse a un efecto de la poliploidización. El patrón global de datos podría explicarse por múltiples orígenes independientes de la poliploidía, plasticidad fenotípica y presiones del ambiente.

PALABRAS CLAVES

Estomas, plasticidad fenotípica, poliploidía, masa de semillas, *Solanum elaeagnifolium*.

Recibido: 22 Mar 2021

Aceptado: 13 May 2021

Publicado en línea: 31 May 2021

Editora: Ana María Gonzalez

ISSN versión impresa 0373-580X
ISSN versión on-line 1851-2372

INTRODUCCIÓN

Solanaceae Juss. cuenta con alrededor de 98 géneros y 2700 especies (Olmstead & Bohs, 2007; Olmstead *et al.*, 2008; Särkinen *et al.*, 2013). La familia es cosmopolita y Sudamérica es su centro de diversificación (Hunziker, 2001; Olmstead & Bohs, 2007; Olmstead *et al.*, 2008). Incluye representantes de gran valor económico, etnobotánico, científico y ornamental, además de otras que revisten interés como especies venenosas y de uso medicinal (Hunziker, 2001; Bohs & Olmstead, 2001). *Solanum* L. es el mayor y más diverso género de la familia (inclusive, uno de los más ricos dentro de Angiospermas), con aproximadamente, 1100-1400 especies válidas (Hunziker, 2001; Bohs, 2005; Särkinen *et al.*, 2013). Cerca de un tercio de estas especies pertenecen al subgénero *Leptostemonum* (Dunal) Bitter, conocidas como "Solanum espinosos". La monofilia del subgénero ha sido comprobada por varios estudios de filogenia molecular (Olmstead & Palmer, 1997; Levin *et al.*, 2006; Särkinen *et al.*, 2013). El grupo incluye plantas comestibles, así como también malezas (Levin *et al.*, 2006; Knapp *et al.*, 2017).

Solanum elaeagnifolium Cav. es una de estas malezas que merece especial atención. Es una planta invasora en distintas partes del mundo (Knapp *et al.*, 2004; Stanton *et al.*, 2009, 2012; Zhu *et al.*, 2013), sobre todo en áreas secas (Knapp *et al.*, 2017) y muestra un alto grado de variación morfológica a lo largo de su área de distribución, particularmente en la forma de la hoja y en el número de acúleos (Boyd *et al.*, 1984; Knapp *et al.*, 2004; Stanton *et al.*, 2009, 2012; Zhu *et al.*, 2013; Knapp *et al.*, 2017). Se trata de una hierba perenne cubierta por numerosos tricomas peltados de aspecto blanquecino/plateado, con un tallo que puede crecer hasta 1 m de altura y hojas simples con márgenes enteras o lobuladas (Christodoulakis *et al.*, 2009; Burrows *et al.*, 2013; Knapp *et al.*, 2017).

Los tricomas de *S. elaeagnifolium* son muy peculiares y son de dos tipos: glandulares con cabeza uni-pluricelular esférica y un pie bicelular; y eglandulares estrellados (Bruno *et al.*, 1999). Los tricomas estrellados son menos numerosos en el hipofilo que en el epífilo. Tienen una estructura compleja y varían en tamaño (diámetro y altura) y en el número de células. Todos poseen

un pie verticalmente ascendente que mide aproximadamente entre 20 y 60 µm de longitud y una célula central con pared celular secundaria gruesa y lignificada, rodeada de 10-18 células no lignificadas (rayos), que presentan un arreglo radial, formando una roseta alrededor de la célula central y están unidos por sus bases (Cosa *et al.*, 1998; Christodoulakis *et al.*, 2009; Burrows *et al.*, 2013). Estos rayos miden entre 120 y 300 µm de longitud; el pie es biseriado y tiene 2 o 4 células de paredes gruesas (Cosa *et al.*, 1998). En cuanto a los estomas foliares, son de tipo anomocítico, anisocítico y paracítico (Cosa *et al.*, 1998) y se encuentran en ambas superficies de la hoja (Prabhakar 2004; Christodoulakis *et al.*, 2009), aunque más abundantes en el hipofilo (Cosa *et al.*, 1998).

Las flores de *S. elaeagnifolium* son pentámeras (ocasionalmente flores tetrámeras) con corolas estrelladas, lóbulos deltoides a triangulares y tejido interpetalar abundante. Las anteras son de forma cónica alargada, dehiscentes por un poro apical, suelen ser heteromórficas, con tres de las cinco ligeramente más largas que el resto, y en general son ligeramente curvadas. Al igual que en la mayoría de las especies del género, el androceo de *S. elaeagnifolium* se caracteriza por la formación de un cono anteral, una estructura adaptada a la "buzz pollination", es decir, la polinización por abejorros que provocan la salida del polen por la vibración de sus músculos del vuelo (Coleman & Coleman, 1982; Knapp *et al.*, 2017). El estilo es largo, ligeramente curvado, pubescente en la parte basal con tricomas estrellados (Knapp *et al.*, 2017).

Varios rasgos contribuyen con el potencial de invasión de *S. elaeagnifolium*: es capaz de dispersarse a grandes distancias, es resistente a la sequía, puede resultar poco palatable y tóxica a los herbívoros (Christodoulakis *et al.*, 2009) y produce compuestos alelopáticos (Mkula, 2006). Se propaga por medio de semillas, pero también asexualmente mediante raíces gemíferas (Fernández & Brevedan, 1972; Stanton *et al.*, 2012). Debido a sus tallos subterráneos, las plantas forman densas colonias, a menudo en áreas perturbadas. Las raíces de *S. elaeagnifolium* han sido caracterizadas como "tuberizadas" (Cosa *et al.*, 1998), presentando hasta 20 capas corticales. Solo las partes subterráneas verticales se engrosan, las horizontales no son tuberizadas ni engrosadas (Knapp *et al.*, 2017).

Estudios previos en *S. elaeagnifolium* demostraron la existencia de una serie euploide basada en $x= 12$ para poblaciones que crecen espontáneamente en Argentina (Moscone, 1992; Acosta *et al.*, 2005; Scaldaferro *et al.*, 2012; Chiarini, 2014; Chiarini *et al.*, 2019). Tres citotipos fueron encontrados: diploide ($2n=2x=24$) de amplia distribución, tetraploide ($2n=4x=48$) de distribución oeste y sur de Argentina, y hexaploide ($2n=6x=72$) que predomina en el centro del país y se extiende hacia el Este (Scaldafarro *et al.*, 2012). Varios indicios apuntan a que se trataría de autopoliploides y no de alloplopoliploides (Chiarini 2014; Knapp *et al.*, 2017). Es necesario señalar que la poliploidía reviste importancia por muchos aspectos: la interacción entre genomas duplicados daría origen a cambios positivos en la expresión génica, alteraciones en las interacciones planta/animal y dimorfismo sexual, entre otros aspectos (Wendel, 2000; Soltis *et al.*, 2009). Los poliploides también suelen presentar diferente rango geográfico respecto de sus progenitores diploides, debido a que probablemente están pre-adaptados a hábitats cuyos recursos resultan limitados para sus progenitores (Lewis, 1980; Scaldafarro *et al.*, 2012). *Solanum elaeagnifolium* es una especie altamente polimórfica y con diversidad cromosómica, no obstante, no existen estudios que consideren los rasgos morfoanatómicos en relación con el polimorfismo y el nivel de ploidía.

Solanum elaeagnifolium presenta también una marcada diversidad a nivel genético: un estudio filogeográfico realizado con secuencias del cloroplasto (Chiarini *et al.*, 2018) detectó la presencia de tres linajes bien distanciados dentro de la especie. De estos linajes, solo dos están presentes en Argentina e incluyen poblaciones poliploides, con hexaploides en solo uno de ellos. La marcada diferencia entre las poblaciones de Argentina y las del resto del mundo fueron notadas también por Gopurenko *et al.* (2014), quienes se centraron en poblaciones de Australia, mientras que Zhu *et al.* (2012) advierten un alto grado de variación genética en poblaciones de *S. elaeagnifolium* en Australia.

Teniendo en cuenta todos estos antecedentes, se planteó el objetivo de estudiar variables morfológicas y anatómicas (de epidermis, flor y semilla) en especímenes de *S. elaeagnifolium* con distintos niveles de ploidía, con el fin de determinar si existen diferencias entre ellas que puedan estar

relacionadas con los linajes genéticos hallados por Chiarini *et al.* (2019).

Específicamente, se propuso: 1) determinar el número cromosómico y el nivel de ploidía de poblaciones de *Solanum elaeagnifolium*, 2) describir y cuantificar los siguientes caracteres anatómicos de epidermis: morfología de los estomas; número de células epidérmicas propiamente dichas por mm^2 (ppdd); número de estomas por mm^2 ; tamaño de los estomas (μm^2); número de rayos de los tricomas eglandulares; área de tricomas eglandulares (μm^2), 3) analizar masa de semillas y dimensiones de órganos florales (corola, estambres y pistilos), y 4) relacionar las mediciones obtenidas en distintas poblaciones con los niveles de ploidía, los linajes genéticos y variables climáticas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Vegetal. Para cada muestra (= población), la cual cuenta con un ejemplar de herbario depositado en el Museo Botánico de Córdoba (CORD), se intentó conocer el linaje genético (rojo, azul o amarillo, de acuerdo a Chiarini *et al.*, 2019), el nivel de ploidía, la georreferencia (longitud y latitud) y tener suficientes réplicas de las mediciones de las semillas, las flores y variables de la epidermis en base al material que fue extraído de ellas, aunque esto no fue posible en la totalidad de los casos (Anexo 1). Una parte de las muestras contó con semillas colectadas en áreas naturales de Argentina y otros países, las cuales se hicieron germinar en cápsulas de Petri, obteniéndose así material para los estudios cromosómicos y para generar plántulas que fueron mantenidas en cultivo en los invernaderos del IMBIV, y que luego se usaron en los estudios de epidermis.

Preparados cromosómicos. Se utilizaron raíces pretratadas con solución acuosa saturada de paraclorobenceno durante 2 horas a temperatura ambiente. Posteriormente, se fijaron en una mezcla 3:1 de alcohol etílico absoluto: ácido acético glacial (preparada en el momento) durante 24 horas y se conservaron en freezer hasta su uso. Se efectuó la digestión enzimática de las raíces con Pectinex ® durante 30 minutos a 37°C. Los ápices radicales se aplastaron con ácido acético 45%, y se congelaron con nitrógeno líquido. Para la tinción se empleó una

solución Giemsa al 2% preparada en el momento (Guerra, 1983). Posteriormente los preparados se montaron con Entellan®.

Los preparados fueron observados y fotografiados utilizando el microscopio Zeiss Axiophot con cámara digital Leica DFC300FX. El análisis de las imágenes se realizó con el software libre ImageJ (Rasband, 1997).

Anatomía de la epidermis. Las hojas fueron fijadas en FAA (formaldehído, alcohol, ác. acético). Se realizaron extendidos utilizando la técnica de "peeling" (D'Ambrogio de Argüeso, 1986), se tiñeron con azul astral por cinco minutos y safranina alcohólica por un minuto. Luego de enjuagar con agua, se realizó el montaje con glicerina acuosa al 50% y se procedió al sellado con pintura de uñas (Zarlavsky, 2014). Los estomas se clasificaron según Dilcher (1974) y Prabhakar (2004). La descripción de los tricomas se basó en el trabajo de Inamdar & Gangadhara (1977). Para el análisis cuantitativo, se determinó el número de células epidérmicas propiamente dichas y de estomas por mm^2 , el tamaño de los estomas en μm^2 como así también el número de rayos de los tricomas estrellados y el área de los mismos. Para estos recuentos y mediciones se utilizó un ocular reticulado. El índice estomático se calculó según la siguiente fórmula (Stace, 1965):

$$\text{I.E.} = (\text{frecuencia de estomas} / \text{frecuencia de estomas} + \text{frecuencia de células epidérmicas propiamente dichas}) \times 100$$

De cada muestra se tomaron tres individuos al azar que constituyeron las réplicas del diseño, y como pseudoréplicas, se tomaron tres hojas de cada individuo y cinco secciones de cada hoja.

Masa de semillas. De cada población se tomaron 10 semillas al azar, se pesaron en balanza de precisión y luego se promedió para obtener la masa de una semilla individual. Este procedimiento se replicó entre 3 y 10 veces para cada población.

Mediciones de las flores. Del material herborizado se extrajeron flores que fueron hidratadas, fotografiadas en la lupa Olympus SZX16 y posteriormente se midió la longitud de las cinco anteras, de los lóbulos corolinos y del pistilo,

utilizando el software ImageJ. En el caso de las anteras, por ser estas desiguales entre sí en longitud, se calculó además un Coeficiente de Variación (CV) entre las cinco anteras de una misma flor.

Análisis estadístico. Las variables obtenidas fueron comparadas estadísticamente en entorno R 3.6.1 (R Core Team, 2019).

La diferencia multivariada entre niveles de ploidía para la longitud de la corola, longitud de pistilo, longitud promedio y coeficiente de variación (CV) de los estambres, número de rayos de los tricomas, área de los tricomas y masa de las semillas se exploró mediante un PERMANOVA, dada la heterogeneidad y falta de normalidad de los datos (Anderson *et al.*, 2017). Para las variables número de células epidérmicas propiamente dichas por mm^2 , número de estomas por mm^2 y tamaño de los estomas (μm^2) no se obtuvieron datos suficientes como para poder comparar los niveles de ploidía. Debido a que el PERMANOVA no es tan robusto como otras técnicas multivariadas con respecto a la dispersión de los datos (Anderson *et al.*, 2017), se puso a prueba la heterocedasticidad entre niveles de ploidía mediante la función *betadisper* del paquete *vegan* (Oksanen *et al.*, 2019).

Para la representación visual de la disimilitud global en estos rasgos, se empleó un método de ordenamiento de escalado multidimensional no-métrico (NMDS, por sus siglas en inglés) (Minchin, 1987). Dado que el NMDS emplea rangos, es el método elegido para respuestas no-lineales (Oksanen, 2015). Se empleó la función *metaMDS* del paquete *vegan* en los valores de los rasgos transformados a logaritmo por las diferencias de escala entre las variables. Previamente, y debido a que no fue posible obtener datos de todos los rasgos para la totalidad de ejemplares para los que se contaba con el dato de nivel de ploidía, se optó por imputar los valores perdidos, lo cual se realizó con la función *imputePCA* del paquete *missMDA* (Josse & Husson, 2016). Esta función realiza una serie de análisis de componentes principales de forma iterativa a la vez que imputa los valores perdidos mediante un valor inicial aleatorio. Este proceso se repite hasta alcanzar la solución con la menor diferencia entre la matriz ajustada y la observada (Josse & Husson, 2016). La matriz completa con los valores observados e imputados de los rasgos fue la empleada en el análisis de ordenamiento.

Se realizó un segundo análisis NMDS incluyendo esta vez los niveles de ploidía, para evaluar el poder explicativo de cuatro parámetros ambientales asociados a cada espécimen: temperatura promedio anual, precipitación promedio anual, coeficiente de variación de precipitaciones (estacionalidad pluvial) y desvío estándar de la temperatura (estacionalidad térmica) además de la longitud y latitud, dado que estas variables probaron ser explicativas en trabajos previos (Scaldaferro *et al.*, 2012).

Los parámetros ambientales se obtuvieron de la base Worldclim versión 2 (<http://www.worldclim.org/>; Fick & Hijmans, 2017), previa georreferenciación utilizando la plataforma *Google Earth 7.1.8.3036 (32-bit)* de ejemplares de herbario de *S. elaeagnifolium* depositados en el Museo Botánico de Córdoba (CORD). Para la extracción de los valores se empleó el paquete *raster* (Hijmans, 2019) y el paquete *sp* (Pebesma & Bivand, 2005; Bivand *et al.*, 2013) se utilizó para proyectar las coordenadas de cada espécimen.

Para el ajuste de los NMDS se utilizaron diagramas de Shepard, los cuales grafican el ajuste lineal o monotónico entre las distancias de ordenamiento y las distancias originales (Borcard *et al.*, 2011).

Para el análisis del efecto del nivel de ploidía y el linaje sobre las variables estomáticas (número de células epidérmicas ppdd., número y área de estomas e índice estomático) se emplearon modelos lineales generalizados mixtos mediante el paquete *lme4* (Bates *et al.*, 2015) en entorno R 3.6.1 (R Core Team, 2019). Para el número de estomas y el número de células epidérmicas se empleó la función *glmer* y se utilizó distribución de Poisson, con ploidía (tres niveles: diploide, tetraploide, hexaploide) o linaje (tres niveles: azul, rojo y amarillo) como factores fijos y la hoja muestreada anidada dentro de individuo y dentro del ejemplar de herbario como factores aleatorios en ambos casos. En el caso del índice estomático se empleó la función *lmer* del mismo paquete, distribución normal, y la misma arquitectura de factores aleatorios, pero la estimación de la significancia se realizó con *lmerTest* (Kuznetsova *et al.*, 2017).

Dado el gran desbalance de datos para las comparaciones en el número de semillas y el número de rayos del tricoma se optó por emplear un método no paramétrico gráfico, basado en *bootstrap*. Este método, llamado "gráficos de estimación de efecto" permite visualizar la magnitud de efecto y su grado de

incertidumbre en el mismo gráfico (Ho *et al.*, 2019) dentro del paquete *dabestr* para R.

Se exploraron las correlaciones entre las variables mediante un análisis no paramétrico utilizando la prueba de Spearman. En este análisis, los niveles de cada una de las variables a relacionar están codificados de forma ordinal, es decir, mediante rangos (el número de orden del valor de cada observación de la variable dentro del conjunto de observaciones) (Hauke & Kossowski, 2011).

RESULTADOS

Recuentos cromosómicos

Se obtuvieron preparados cromosómicos de 40 poblaciones. El número diploide ($2n=2x=24$) fue hallado en 19 poblaciones y el número tetraploide ($2n=2x=48$) en 12 poblaciones, mientras que en 9 poblaciones se encontró el número hexaploide ($2n=2x=72$) (Anexo 2). Estos datos se sumaron en los diferentes análisis a los datos de ploidía informados en trabajos previos (Scaldaferro *et al.*, 2012; Chiarini *et al.*, 2019). La distribución geográfica de las nuevas poblaciones analizadas coincide con el de las previas (Fig. 2 de Scaldaferro *et al.*, 2012): el citotipo diploide ocupa áreas en el centro y oeste de Argentina, la distribución más occidental del citotipo tetraploide coincide con una diagonal árida (Bruniard, 1982), en la provincia biogeográfica de Monte (Cabrera & Willink, 1982), y el citotipo hexaploide se ubica en la región centro y este del país.

Variables anatómicas

Estomas: La morfología de los estomas de *S. elaeagnifolium* no se modifica con la ploidía (Fig. 1), presentándose en los tres niveles numerosos estomas anisocíticos, esto es, estomas completamente rodeados por sólo tres células subsidiarias, variables en posición y forma, con una de ellas claramente más pequeña, y estomas anomocíticos, es decir, sin células subsidiarias, rodeados por células epidérmicas ppdd., variables en posición, forma y tamaño (Prabhakar, 2004). En algunos preparados se detectaron estomas paracíticos, estomas completamente rodeados por una o dos células subsidiarias cuyas paredes están orientadas hacia los polos de las células oclusivas, coincidiendo con los hallazgos previos (Cosa *et al.*, 1998; Bruno *et al.*, 1999; Christodoulakis *et al.*, 2009).

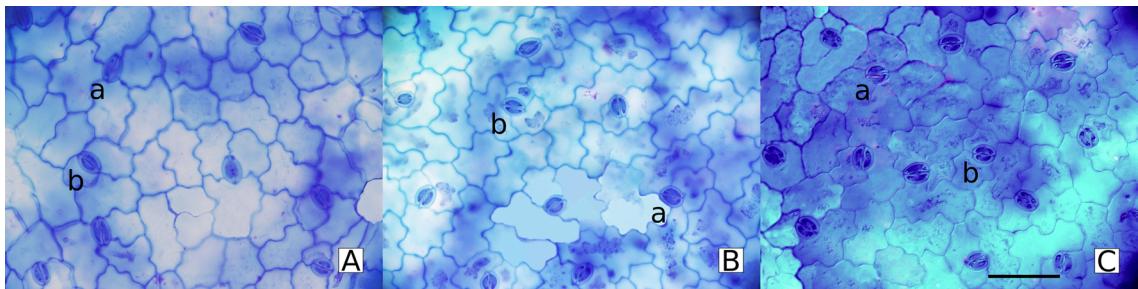


Fig. 1. Fotomicrografías de epidermis. **A:** Citotipo diploide. **B:** Citotipo tetraploide. **C:** Citotipo hexaploide. Todas las fotografías a la misma escala: 50 µm. Abreviaturas=a: estomas anomocíticos, b: estomas anisocíticos.

Número de células epidérmicas ppdd/mm² y número de estomas/mm²: El número de estomas por mm² resultó ser diferente entre los distintos niveles de ploidía (Tabla 1, Fig. 2), siendo el citotipo tetraploide el que presentó menor número de estomas/mm² (frecuentemente entre 7 y 8 por área de ocular reticulado) (Anexo 1). El número de células epidérmicas ppdd/mm² y el índice estomático no presentaron diferencias significativas al compararse entre ploidías (Anexo 3).

Tamaño de los estomas (µm²): El tamaño varió entre 103 y 478 µm² (Anexo 1). Los valores medios se muestran en la Tabla 1. Esta variable no presentó diferencias significativas al compararse entre los distintos niveles de ploidía.

Tricomas: Son pelos estrellados formados por un pie multicelular, más rayos laterales

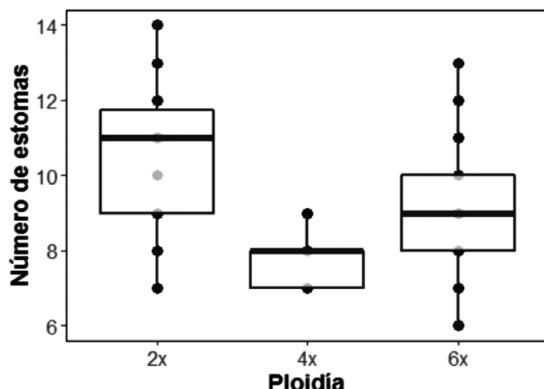


Fig. 2. Gráfico de cajas comparando el número de estomas entre los niveles de ploidía. Las medias fueron significativamente diferentes entre los tres niveles ($z \geq |-2.23|$; $P \leq 0.02$).

unidos en su base (i.e. peltados, Fig. 3) y un rayo central reducido a un punto. En la mayoría de los casos, el número de rayos laterales es 16, pero se encontraron muestras con hasta 26 rayos, lo que hace que los hexaploides sean marginal pero significativamente distintos (Figs. 3-4). El área de estos tricomas varió entre las 61 µm² y las 584 µm² (Anexo 1), mientras que los valores medios para cada ploidía oscilaron entre 192-234 µm² (Tabla 1). Aunque el área de los tricomas no mostró diferencias significativas entre niveles de ploidías, sí contribuyó a la discriminación de grupos en términos de similitud/ disimilitud a nivel global (ver PERMANOVA y Fig. 5).

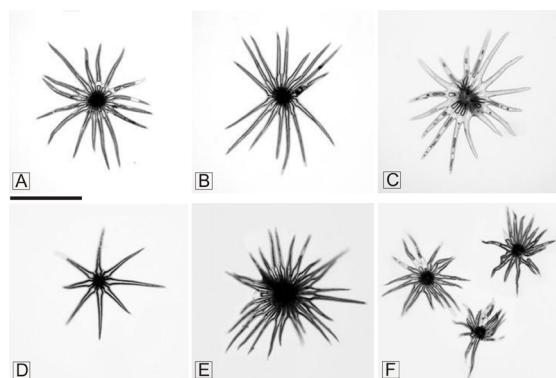


Fig. 3. Fotomicrografías de tricomas estrellados. **A:** Citotipo diploide (Juliani 34). **B:** Citotipo tetraploide (Barboza 2319). **C:** Citotipo hexaploide (Moscone 180). **D:** Tricoma con la menor cantidad de rayos laterales (8) (Barboza 1944, diploide). **E:** Tricoma con la mayor cantidad de rayos laterales (26) (Moscone 109, hexaploide). **F:** Grupo de tres tricomas ilustrando la diferencia en tamaños. **A-C** presentan 16 rayos laterales. Escala= 200 µm.

Tabla 1. Medidas de resumen de las variables morfológicas estudiadas de acuerdo al nivel de ploidía: diploides (2x), tetraploides (4x) y hexaploides (6x). sd = desvío estándar. N = tamaño de la muestra. CV= coeficiente de variación.

PLOIDÍA	variable	media ± sd (N)
2X	longitud promedio estambres (mm)	14.77 ± 5.13 (54)
	CV estambres	5.64 ± 2.0
	nº de rayos del tricoma	15.49 ± 1.34 (75)
	área del tricoma (μm^2)	192.43 ± 93.5 (75)
	índice estomático	19.04 ± 1.7 (450)
	longitud corola (mm)	22.81 ± 4.16 (48)
	longitud pistilo (mm)	16.3 ± 4.61 (10)
	nº células epidérmicas ppdd.	676.92 ± 35.85 (450)
	nº estomas/mm ²	160 ± 21.23 (450)
	masa de semilla (g)	0.036 ± 0.02 (108)
4X	longitud promedio estambres (mm)	17.9 ± 1.21 (9)
	CV estambres	4.72 ± 1.35
	nº de rayos del tricoma	15.89 ± 1 (65)
	área del tricoma (μm^2)	234.68 ± 128.1 (65)
	índice estomático	15.94 ± 1.02 (90)
	longitud corola (mm)	29.74 ± 2.16 (10)
	longitud pistilo (mm)	26.81 ± 1.86 (2)
	nº células epidérmicas ppdd.	639.08 ± 17.38 (90)
	nº estomas/mm ²	121.38 ± 10.46 (90)
	masa de semilla (g)	0.043 ± 0 (46)
6X	longitud promedio estambres (mm)	17.16 ± 1.68 (90)
	CV estambres	4.78 ± 2.41
	nº de rayos del tricoma	15.63 ± 0.93 (30)
	área del tricoma (μm^2)	229.63 ± 114.37 (30)
	índice estomático	17.56 ± 4.22 (27)
	longitud corola (mm)	24.76 ± 5.62 (21)
	longitud pistilo (mm)	19.48 ± 5.06 (6)
	nº células epidérmicas ppdd.	700.3 ± 34.15 (90)
	nº estomas/mm ²	136.31 ± 22.15 (90)
	masa de semilla (g)	0.030 ± 0.01 (45)
	tamaño estoma (μm)	373.31 ± 46.95 (90)

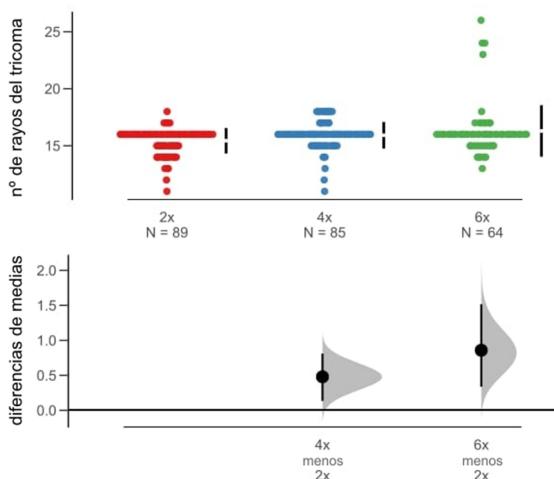


Fig. 4. Estimación de efectos para el valor medio de la diferencia en el número de rayos del tricoma entre ploidías de *S. elaeagnifolium* respecto a los diploides. En el gráfico superior se visualizan las observaciones y las líneas negras representan los valores medios. En el inferior se visualizan las curvas para la distribución de las diferencias resultado del remuestreo ($N=100$ bootstraps) y el intervalo de confianza. Los hexaploídos fueron los únicos que difieren respecto a diploides y tetraploídos (IC: 0.136; 1.52). Solo se muestra el gráfico respecto a los diploides.

Para ninguna de las variables epidérmicas (tanto de estomas como de tricomas) fue posible obtener datos suficientes como para comparar entre los tres linajes (rojo, amarillo y azul, Chiarini *et al.*, 2019). Sí fue posible comparar los linajes amarillo y azul entre sí para la mayoría de las variables, pero las diferencias resultaron no significativas en todos los casos (Anexo 3).

Semillas. Las semillas de *S. elaeagnifolium* son de color tostado pálido, aplanadas, reniformes o lenticulares y se encuentran en un número promedio de alrededor de 60 dentro de cada fruto maduro, el cual es una baya de color amarillo (Chiarini & Barboza, 2007; Knapp *et al.*, 2017). Los datos de masa presentaron una gran dispersión y elevada varianza (Tabla 1, Fig. 6), especialmente en el citotipo diploide. El test no paramétrico indicó que la media de la masa de las semillas de los tetraploídos es marginalmente superior respecto a las otras dos ploidías.

Flor. Los valores medios de las variables longitud de la corola, de los estambres y del pistilo (Tabla 1) no mostraron diferencias significativas entre los niveles de ploidía. Sin embargo, estas variables permitieron discriminar

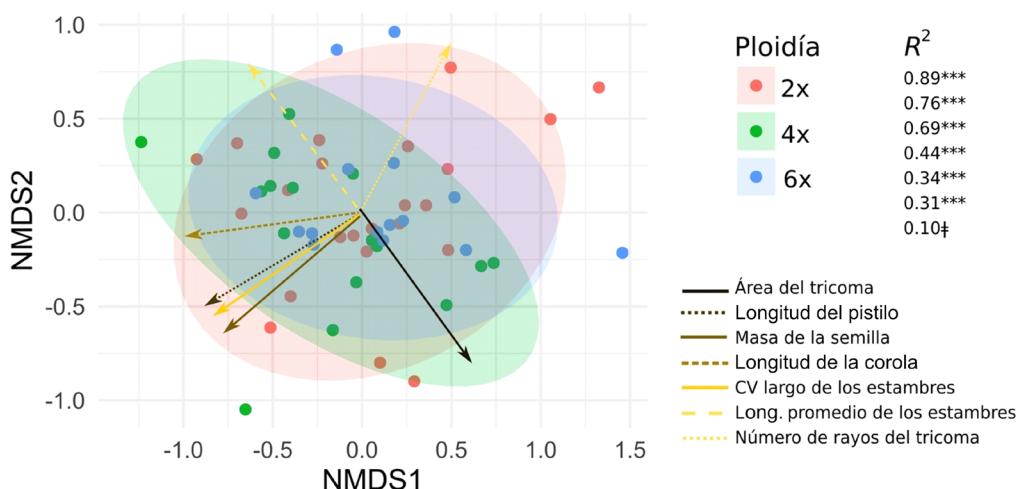


Fig. 5. Análisis de ordenamiento por rangos (NMDS) para longitud de la corola, longitud de pistilo, longitud promedio y coeficiente de variación (CV) de los estambres, número de rayos del tricoma y masa de la semilla, en relación a los tres niveles de ploidía de *S. elaeagnifolium*. El valor de R^2 indica el ajuste entre el rasgo considerado y los ejes de ordenamiento. Valores significativos indican que ese rasgo contribuye a discriminar especímenes en los ejes. ** $P=0.001$; † $P=0.08$.

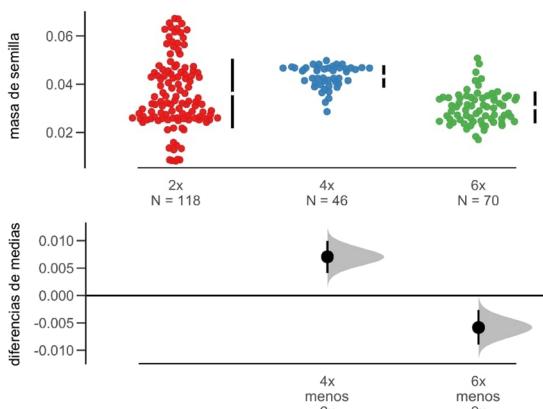


Fig. 6. Estimación de efectos para el valor medio de la diferencia en la masa de las semillas entre ploidías de *S. elaeagnifolium* respecto a los diploides. En el gráfico superior se visualizan las observaciones y las líneas negras representan los valores medios. En el gráfico inferior se visualizan las curvas para la distribución de las diferencias resultado del remuestreo ($N=100$ bootstraps) y el intervalo de confianza. En cada caso la diferencia entre tetraploides y diploides ($IC: 0.00407; 0.00998$) y entre hexaploides y diploides ($IC: 0.00897; -0.0027$) resultó significativa. La masa de las semillas de los tetraploides supera la de los hexaploides ($IC: -0.015; -0.011$; gráfico no mostrado).

grupos de observaciones en términos de similitud / disimilitud a nivel global (ver PERMANOVA y Figs. 5, 7). Las cinco anteras de cada flor, que presentaron una longitud de entre 7.8 y 25.3 mm con una media de 16.1 mm (Anexo 1), en algunos individuos resultaron del mismo largo, mientras que en otros, dos de las anteras eran entre 0,1 y 18 % más cortas (5,5 % en promedio más cortas, ver Anexo 3, Tabla 1).

Con respecto a los linajes, no se registraron diferencias significativas en cuanto a la masa de semillas, mientras que para los rasgos florales solo hubo datos suficientes para comparar los linajes amarillo y azul, los cuales no resultaron ser distintos (Anexo 3), excepto para la variable longitud de la corola.

Análisis estadísticos

PERMANOVA. Este análisis permitió apreciar la variabilidad de los rasgos a nivel global y la utilidad de estos para separar grupos. En este sentido, la ploidía explicó el grado de similitud entre los ejemplares de manera significativa ($R^2=0,26$; $P=0,001$).

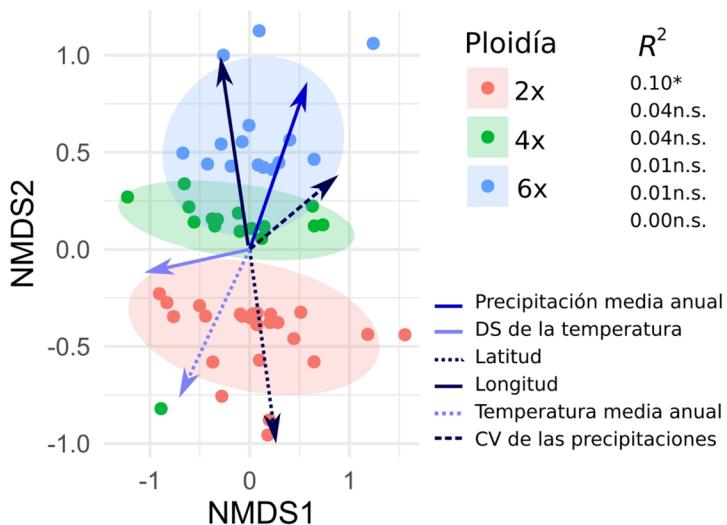


Fig. 7. Análisis de ordenamiento por rangos (NMDS) para el nivel de ploidía, el longitud de la corola, longitud de pistilo, longitud promedio y coeficiente de variación de los estambres, número de rayos del tricoma y masa de la semilla, y ajuste con parámetros ambientales asociados a cada espécimen estudiado de en *S. elaeagnifolium*. El valor de R^2 indica el ajuste entre el rasgo considerado y los ejes de ordenamiento. Valores significativos indican que efectivamente ese rasgo contribuye a discriminar especímenes en los ejes. CV: Coeficiente de variación, DS: Desvío estándar. * $P=0.05$; n.s.= no significativo. El valor de R^2 para el coeficiente de variación de las precipitaciones es menor a 0,001.

NMDS. En un primer análisis, se evaluó la interdistancia para cada observación con las variables número de rayos de tricomas, área de tricomas, masa de la semilla, longitud del pistilo, longitud de la corola, longitud promedio de los estambres y coeficiente de variación de la longitud de los estambres en su conjunto. Todas las variables mencionadas, excepto el número de rayos de los tricomas, contribuyeron a la discriminación entre niveles de ploidía. Es decir, estas variables son significativas para explicar las similitudes que tienen a nivel global las observaciones entre sí en los dos ejes resumen (NMDS1 y NMDS2) en relación a los tres niveles de ploidía (Figs. 5, 7). En el caso particular del citotipo tetraploide (mostrado en verde, Figs. 5, 7) la longitud promedio de los estambres y el área de los tricomas son las variables

que mejor permiten diferenciar al grupo en términos de similitud / disimilitud global.

En un segundo análisis (NMDS de Rasgos morfológicos + variables ambientales y coordenadas geográficas) se encontró que la variable precipitación media anual es la única variable ambiental que contribuye a la discriminación entre los tres niveles de ploidía (Fig. 7).

Correlaciones. En la Tabla 2 se muestran las 11 variables que están significativamente correlacionadas de acuerdo a los resultados del análisis de correlaciones de Spearman ($p \leq 0.05$). El resto de las variables no están correlacionadas y no se muestran en la tabla. Ninguna de las variables analizadas mostró diferencias al compararse por linajes.

Tabla 2. Correlaciones de Spearman, estadísticamente significativas y con sentido biológico, entre las variables analizadas. CV= coeficiente de variación. ρ = coeficiente de correlación de Spearman. p = nivel de significancia.

correlación	Variable	Variable	ρ	p
1	masa semilla (g)	longitud pistilo (mm)	0,719	0
2	masa semilla (g)	longitud corola (mm)	0,64	0
3	masa semilla (g)	longitud prom. estambres (mm)	0,314	0,019
4	longitud pistilo (mm)	longitud corola (mm)	0,767	0
5	longitud corola (mm)	longitud prom. estambres (mm)	0,697	0
6	longitud pistilo (mm)	longitud prom. estambres (mm)	0,36	0,007
7	área tricoma (μm^2)	longitud prom. estambres (mm)	-0,492	0
8	área tricoma (μm^2)	longitud corola (mm)	-0,408	0,002
9	área tricoma (μm^2)	longitud pistilo (mm)	-0,399	0,003
10	masa semilla (g)	estacionalidad térmica	0,362	0,007
11	masa semilla (g)	prec. media anual (mm)	-0,359	0,007
12	nivel de ploidía	prec. media anual (mm)	0,341	0,011
13	masa semilla (g)	longitud	-0,283	0,036
14	nivel de ploidía	longitud	0,266	0,049
15	longitud corola (mm)	CV. estambres	0,284	0,035
16	longitud pistilo (mm)	CV. estambres	0,391	0,003
17	Nº rayos del tricoma	CV. estambres	-0,428	0,001
18	masa semilla (g)	CV. estambres	0,462	0
19	Nº rayos del tricoma	longitud prom. estambres (mm)	0,396	0,003

DISCUSIÓN

La incorporación de variables morfo-anatómicas a estudios citogenéticos en especies con poblaciones poliploides y altamente polimórficas (como en el caso de *S. elaeagnifolium*) aporta información novedosa y original, ya que hay pocos estudios que consideran estas perspectivas en conjunto, es decir, cuya finalidad es explicar la variabilidad observada en relación a los niveles de ploidía.

Se sabe que la poliploidía se comporta como una fuente de variabilidad genética, al alterar la estructura genómica de los organismos de manera directa, o indirectamente, al interactuar con otros factores, fisiológicos y ambientales (Lewis, 1980; Stebbins, 1985). La poliploidía puede considerarse en sí misma como un factor explicativo del polimorfismo morfológico, ya que uno de sus efectos notables es el aumento en el tamaño de las células, que puede verse reflejado en un aumento en la talla de la planta o de determinados órganos como las flores, los granos de polen o las semillas (Gould, 1957; Stebbins, 1971; Pegtel, 1999). Cambios en el volumen celular modifican la relación superficie-volumen, lo cual altera la tasa de procesos fisiológicos y metabólicos que dependen de sistemas regulatorios (Alcántar Vázquez, 2014). Siendo así, se espera que la mayoría de los rasgos morfológicos estén correlacionados positivamente con los niveles de ploidía. Sin embargo, lo hallado en este trabajo es que en *S. elaeagnifolium*, los rasgos morfo-anatómicos de las poblaciones estudiadas no responden linealmente a los efectos de la poliploidización.

Si bien el análisis de comparación de medias mostró que la mayoría de las variables no difieren entre citotipos, esto no implica que estas mismas variables, en conjunto (y sumadas a las variables climáticas) sean útiles para discriminar grupos de observaciones entre sí.

Por otro lado, se puede considerar que el conjunto de caracteres mostrados por un poliploide puede traer consigo una mayor adaptación al ambiente que ocupa o bien facilitar el cambio a un nicho ecológico distinto. Es decir, los cambios adaptativos originados como consecuencia de la poliploidización, pueden causar una diferenciación ecológica entre citotipos o niveles de ploidía (Mable, 2003; Comai, 2005; Otto, 2007).

Es importante precisar el papel discriminante de la variable precipitación media anual. Ya que esta es la única variable ambiental evaluada que discrimina entre niveles de ploidía, es la más relevante para la explicación de las diferencias observadas. La correlación significativa y positiva entre el nivel de ploidía y la precipitación corrobora el resultado de Scaldaferro *et al.* (2012), con los tetraploides distribuidos sobre la diagonal árida y los hexaploides en áreas más húmedas.

Las variables anatómicas de la epidermis no presentaron diferencias significativas entre los citotipos, excepto por el número de estomas, en donde los tetraploides arrojaron una media marginalmente inferior. Tal como documentan Gabriel *et al.* (2011), quienes evalúan la resistencia genética a estrés hídrico en variedades de *Solanum tuberosum* en invernadero, un número y un área estomática bajos ayudan a la resistencia y a la recuperación frente a un estrés hídrico. Altas densidades estomáticas están asociadas a elevadas conductancias estomáticas, elevadas tasas de transpiración y maximización de la difusión de dióxido de carbono durante períodos óptimos de fotosíntesis (Beaulieu *et al.*, 2008, Burrows *et al.*, 2013). Asimismo, puede considerarse que la gran varianza del número de estomas en los diploides de *S. elaeagnifolium*, estaría en relación con la amplia distribución de este citotipo.

El tamaño de los estomas es un factor clave en el proceso de aclimatación al estrés hídrico, al existir una relación inversa entre el tamaño del estoma y la resistencia a la sequía (Strasburger *et al.*, 1986; Aasaman *et al.*, 2001). Esta variable tampoco presenta diferencias significativas al compararse entre ploidías. Sin embargo, el valor promedio es menor para tetraploides que para hexaploides. Este dato junto con el del número de estomas, podría sugerir que las diferencias en los valores de estas variables anatómicas se deben a cambios adaptativos al estrés hídrico. Si bien los valores medios no arrojaron diferencias significativas, el creciente aumento del área estomática entre niveles de ploidía (diploides < tetraploides < hexaploides) podría ser también una consecuencia directa de la poliploidización (Alcántar Vázquez, 2014). Los datos obtenidos no fueron suficientes para evaluar un efecto combinado del nivel de ploidía y el área geográfica.

Con respecto a los tricomas, se les atribuye un posible papel en la economía del agua al influenciar la capa límite de difusión de agua de la superficie transpirante de una hoja (Johnson, 1975; Cadena Iñiguez *et al.*, 2001), así como también disminución de la tasa de evapotranspiración, enfriamiento o aislamiento de las hojas reflejando la radiación solar incidente y/o disipando el calor absorbido y protegiendo a la hoja contra el daño de los rayos UV (Johnson, 1975; Woodman & Fernandes, 1991; Roy *et al.*, 1999; Barp *et al.*, 2006; Pierce, 2007; Burrows *et al.*, 2013). El tamaño de los tricomas es una característica que suele variar en respuesta al ambiente en el cual crece la planta (Johnson, 1975; García *et al.*, 2000). En *S. elaeagnifolium*, Burrows *et al.* (2013) desechan la participación de los tricomas en la absorción de líquido y consideran como posibles funciones la de defensa contra la herbivoría y la disminución de la absorción de radiación. En nuestro caso, los tetraploides, son los que presentan mayores áreas de tricomas, y aunque si bien la diferencia entre ploidías no es estadísticamente significativa, esta variable es útil para explicar las similitudes que tienen las muestras a nivel global. Sería necesario un análisis relacionando área de los tricomas con la insolación y radiación para una mejor explicación del patrón observado.

Los tricomas peltados, como los de *S. elaeagnifolium*, tendrían un papel en la compensación entre la fotoprotección y la adquisición de agua de rocío (Pierce, 2007). Esto podría ser una explicación para la diferencia en el número de rayos del tricoma observada entre ploidías, ya que el citotipo hexaploide, en donde se hallaron tricomas con rayos supernumerarios, ocupa áreas del país con mayor precipitación media anual. Al mismo tiempo, debe considerarse el efecto de la poliploidía en la organogénesis. En *Arabidopsis*, los tricomas de las hojas tienen una morfología ramificada característica (Orr-Weaver, 2015), en donde el aumento de la ploidía da como resultado ramas adicionales, mientras que la reducción disminuye el número de ramas. Al estar los tricomas asociados con la resistencia a los insectos, es probable que la ramificación sea relevante y que la ploidía afecte esta función. En efecto, en *S. elaeagnifolium*, la cubierta densa de tricomas solapados tiene un efecto repelente contra herbívoros pequeños (Christodoulakis *et al.*, 2009;

Burrows *et al.*, 2013). Entre los enemigos naturales de *S. elaeagnifolium* en la región se cita al coleóptero *Gratiana lutescens* (Siebert, 1975; Vigna *et al.*, 1981) que se alimenta vorazmente de las hojas. Se sabe que en *S. sisymbriifolium* las hojas mantenidas al sol desarrollan mayor cantidad de tricomas, los cuales impiden la alimentación de larvas de otro coleóptero, *Gratiana spadicea* (Boligon, 2007). Sin embargo, no hay estudios específicos sobre la interacción entre *S. elaeagnifolium* y los insectos antes mencionados, la cual debería ser revisada teniendo en cuenta el número de tricomas y de rayos y los niveles de ploidía.

Con respecto a la masa de las semillas, existen investigaciones sobre su compleja relación con el tamaño del genoma. Beaulieu *et al.*, (2007) sostienen que en Angiospermas (incluido el Orden Solanales) las divergencias en el tamaño del genoma se correlacionan positivamente con las de la masa de semillas. Existe evidencia de que en algunas especies la masa de las semillas escala con la poliploidía (Stebbins, 1971; Bretagnolle *et al.*, 1995; Beaulieu *et al.*, 2007; García Osuna *et al.*, 2015). En *S. elaeagnifolium*, los tetraploides muestran una semilla significativamente más pesada que los otros citotipos, pero la masa no se incrementa proporcionalmente con la ploidía. La masa, en cambio, podría estar afectada por factores tales como el número de frutos por planta. Esto, junto con la cantidad y peso de las semillas, se modifican en respuesta tanto a las condiciones ambientales que afectan la disponibilidad de recursos como al genotipo de la planta (Vaughton & Ramsey, 1998; Barthlott & Hunt, 2000; Vargas *et al.*, 2003; Garrido S. *et al.*, 2005; De Malach *et al.*, 2019). En las muestras analizadas se halló una correlación negativa entre la precipitación media anual y la masa de las semillas, y una correlación positiva entre la estacionalidad y la masa de las semillas (Tabla 2). Murray *et al.* (2004) mencionan a la precipitación como una variable que puede influenciar la masa de las semillas, en relación con gradientes latitudinales y longitudinales. El aumento del gasto metabólico a temperaturas más altas puede estar relacionado con la persistencia de las semillas en el suelo. Los recursos de semillas se agotan más rápido cuando hace calor, y por lo tanto, en regiones tropicales y áridas, una masa de semillas más grande podría haber evolucionado en compensación (Murray *et al.*,

2004). Las características de los bancos de semillas podrían explicar gran parte de la persistencia de algunas especies invasoras, como es el caso de *S. elaeagnifolium* (Mekki, 2007). La distribución más occidental del citotipo tetraploide coincide con la diagonal árida (Bruniard, 1982), en la provincia biogeográfica de Monte (Cabrera & Willink, 1982), tal como fuera notado previamente por Scaldaferro *et al.*, (2012). Las semillas de los tetraploides serían más pesadas, no tanto por efecto de la poliploidía, sino más bien por efecto de compensación de recursos. Esta interpretación también está sustentada en las correlaciones positivas entre la masa de las semillas y la longitud geográfica, mientras más al Oeste, más pesada la semilla (Tabla 2).

Con respecto a las variables medidas en la flor, sus valores medios no presentaron diferencias significativas entre ploidías. No obstante, existe una relación significativa entre los ejes NMDS1 y NMDS2 y estas variables florales. Dichas variables están además correlacionadas positivamente con la masa de las semillas. Existen evidencias de una relación entre masa de semilla y peso seco de la corola (Sakai & Sakai, 1994), que involucra mecanismos ecológicos y fisiológicos de polinización (Garrido J.L. *et al.*, 2005), pero tales aspectos no han sido abordados aún para los distintos citotipos de *S. elaeagnifolium*.

Las variables florales presentaron también una correlación positiva entre ellas. Las diferencias de las distintas dimensiones entre los citotipos son alométricas: siempre hay una misma proporción entre las dimensiones de las anteras y el resto de las partes de la flor. Dentro de *Solanum* sect. *Basarthrum*, existe una correlación entre cantidad de polen y radio de la corola (Mione & Anderson, 1992), lo que sugiere que el tamaño de la corola habría evolucionado en relación a la función masculina, o que las flores más grandes producen más polen, mientras que la longitud del estilo estaría en relación con el tamaño del grano de polen (Plitmann & Levin, 1983; Vonhof & Harder, 1995).

La organización modular debe ser considerada al analizar las relaciones entre dimensiones de las partes de un organismo. Los módulos son subconjuntos de rasgos integrados (es decir, tienden a variar de manera coordinada) que varían de forma relativamente independiente de otros subconjuntos similares (Klingenberg, 2014). En el caso de *S. elaeagnifolium*, considerando la flor como un

módulo, se hallaron relaciones isométricas entre las dimensiones de la corola y el pistilo, de la corola y los estambres y de los estambres y el pistilo (Tabla 2), pero también relaciones alométricas (cuanto mayor la corola más desiguales los estambres). Esto sería un indicio de que esta especie, a lo largo de su vasto rango de distribución, ajusta su biología floral de acuerdo a presiones del ambiente, que pueden ser bióticas (polinizadores) o abióticas (temperatura, precipitaciones, condiciones del suelo).

La heterantería (o heterandria, presencia de estambres notablemente desiguales en una misma flor) es una peculiaridad que ocurre en varios clados de *Solanum*. Las diferencias en el tamaño del estambre pueden afectar la longitud del filamento, la longitud de la antera o ambas (Levin *et al.*, 2006; Bohs *et al.*, 2007; Vallejo-Marin *et al.*, 2009; Del Vitto & Petenatti, 2015). Su función presumiblemente sería depositar polen en una parte de la abeja donde no le es fácil quitárselo. Otra posibilidad es que el/los estambres largos funcionen como una plataforma de aterrizaje para los insectos visitantes, que luego trabajan las anteras restantes para el polen (Levin *et al.*, 2007; Bohs *et al.*, 2007; Vallejo-Marin *et al.*, 2009; Del Vitto & Petenatti, 2015). En el caso de *S. elaeagnifolium*, la variación de longitud entre estambres, aporta a la diferenciación global. Los tetraploides, que habitan al oeste en la región de Monte, presentan flores con estambres más semejantes entre sí que los de las flores de los hexaploides y diploides. Si bien los visitantes florales han sido documentados en poblaciones de *S. elaeagnifolium* en Mendoza y San Luis (Jensen-Haarup, 1908; Jørgensen, 1909; Petenatti & Del Vitto, 1991), en Estados Unidos (Linsley & Cazier, 1963; Buchmann & Cane, 1989), y en áreas invadidas en Grecia (Tscheulin & Petanidou, 2013), estos estudios no contemplan las ploidías ni las medidas de los estambres.

Por otro lado, el coeficiente de variación de la longitud de los estambres está positivamente correlacionado con la longitud de los lóbulos corolinos y con la longitud del pistilo. Esto podría estar en relación con el tipo de insectos polinizadores. El cono anteral de *Solanum* presenta modificaciones de acuerdo a la especie de himenóptero que lo visita (Coleman & Coleman, 1982; Bohs *et al.*, 2007; Del Vitto & Petenatti, 2015). En particular, en el clado *Elaeagnifolium* las anteras no son fuertemente conniventes, y sólo

abejas grandes que puedan contactar tanto el estilo como las anteras son polinizadores eficientes, mientras que abejas pequeñas como halítidos son "ladrones" de polen (Knapp *et al.*, 2017). Por otro lado, mientras el tamaño de la abeja se incrementa, también aumenta el "buzz ratio" o frecuencia de vibración de los músculos del vuelo (De Luca *et al.*, 2019). Dado que *S. elaeagnifolium* es una especie con distribución amplia, los polinizadores podrían variar de acuerdo a la región geográfica y consecuentemente esto podría afectar la forma de su cono anteral. Por el momento, solo se conoce un elenco de visitantes florales de *S. elaeagnifolium* (Knapp *et al.*, 2017). Serán necesarios estudios más detallados, abarcando diploides y poliploides de toda el área de *S. elaeagnifolium* en Argentina, para establecer si existe una diferenciación mediada por polinizadores.

CONCLUSIONES

En las muestras estudiadas, la relación entre el nivel de ploidía o el linaje genético y las características morfológicas de las plantas es apenas significativa (en cuanto número de estomas, masa de semilla, número de rayos del tricoma) o nula (resto de las variables).

El número de estomas por mm² resultó ser diferente entre ploidías. Los datos de masa de semillas presentaron una gran dispersión y elevada varianza, siendo la media marginalmente superior en los tetraploides respecto de las otras dos ploidías. Las diferencias de medias en estas dos variables son difícilmente explicables como un efecto de la duplicación de la dotación cromosómica.

En la mayoría de los casos el número de rayos laterales de los tricomas estrellados es 16, pero se encontraron entre los hexaploides muestras con un número mayor, que los hace marginal pero significativamente distintos.

En ningún rasgo se comprobó que sus valores medidos variaran de manera proporcional al aumento de ploidía, como ha sido visto en otras especies con series poliploides. Ninguna de las variables analizadas mostró diferencias al compararse por linajes.

Los valores encontrados podrían explicarse, más que por un efecto de la ploidía creciente, por causas tales como múltiples orígenes independientes de

la poliploidía, plasticidad fenotípica y presiones del ambiente (bióticas y abióticas). Ensayos con materiales de estas mismas poblaciones pero en invernadero, con condiciones controladas, podrían arrojar luz sobre tales presiones ambientales.

Se necesitan más estudios y la incorporación de otras variables para determinar si hay otras características (por ejemplo, datos de ADN nuclear, fito-histoquímicos, de preferencia de nichos ecológicos) que distinguen los citotipos y/o los linajes genéticos.

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

FC recolectó el material de campo, MM y LS realizaron los preparados cromosómicos e histológicos, tomaron fotomicrografías y efectuaron mediciones. AC realizó el análisis estadístico de los datos. Todos los autores participaron en la escritura del manuscrito.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecemos el financiamiento a la Secretaría de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Córdoba (SeCyT-UNC), al Fondo para la Investigación Científica y Tecnológica (FONCYT) y al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

BIBLIOGRAFÍA

- AASAMAN, K., A. SOBER & M. RAHI. 2001. Leaf anatomical characteristic associated with shoot hydraulic conductance, stomatal conductance and stomatal sensitivity to changes of leaf water status in temperate deciduous trees. *Austral. J. Pl. Physiol.* 28: 765-774. <https://doi.org/10.1071/PP00157>
- ACOSTA, M.C., G. BERNARDELLO, M. GUERRA & E.A. MOSCONE. 2005. Karyotype analysis in several South American species of *Solanum* and *Lycianthes rantonnei* (Solanaceae). *Taxon* 54: 713-723. <https://doi.org/10.2307/25065428>
- ALCÁNTAR VÁZQUEZ, J.P. 2014. La Poliploidía y su importancia evolutiva. *Temas Cienc. Tecnol.* 18: 17-29.

- ANDERSON, M.J., D.C. WALSH, K. ROBERT CLARKE, R.N. GORLEY & E. GUERRA-CASTRO. 2017. Some solutions to the multivariate Behrens–Fisher problem for dissimilarity based analyses. *Aust. N. Z. J. Stat.* 59: 57-79.
<https://doi.org/10.1111/anzs.12176>
- BARP, E.A., G.L.G. SOARES, G. GOSMANN, A.M. MACHADO, C. VECCHI & G.R. MOREIRA. 2006. Phenotypic plasticity in *Passiflora suberosa* L. (Passifloraceae): induction and reversion of two morphs by variation in light intensity. *Braz. J. Biol.* 66: 853-862.
<https://doi.org/10.1590/S1519-69842006000500011>
- BARTHLOTT, W. & D.R. HUNT. 2000. Seed diversity in the Cactaceae subfamily Cactoideae. *Succ. Pl. Res.* 5: 1-173.
- BATES, D., M. MAECHLER, B. BOLKER & S. WALKER. 2015. Fitting Linear Mixed-Effects Models using lme4. *J. Stat. Softw.* 67: 1-48.
<https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>
- BEAULIEU, J. M., A.T. MOLES, I.J. LEITCH, M.D. BENNETT, J.B. DICKIE & C.A. KNIGHT. 2007. Correlated evolution of genome size and seed mass. *New Phytol.* 173: 422-437.
<https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2006.01919.x>
- BEAULIEU, J.M., I.J. LEITCH, S. PATEL, A. PENDHARKAR & C.A. KNIGHT. 2008. Genome size is a strong predictor of cell size and stomatal density in angiosperms. *New Phytol.* 179: 975-986.
<https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2008.02528.x>
- BIVAND, R.S., E. PEBESMA & V. GOMEZ-RUBIO. 2013. Applied spatial data analysis with R. *Use R! Second edition*. Springer-Verlag New York.
<https://doi.org/10.1007/978-1-4614-7618-4>
- BOHS, L. & R.G. OLMSTEAD. 2001. A reassessment of *Normania* and *Triguera* (Solanaceae). *Pl. Syst. Evol.* 228: 33-48. <https://doi.org/10.1007/s006060170035>
- BOHS, L. 2005. Major clades in *Solanum* based on ndhF sequence data. In: HOLLOWELL V, KEATING R, LEWIS W, CROAT T (eds) *A Festschrift for William D'Arcy*. Monogr. Syst. Bot. Missouri Bot. Gard., vol 104, pp 27-50. Missouri Botanical Garden Press, St. Louis, Missouri.
- BOHS, L., T. WEESE, N. MYERS, V. LEFGREN, N. THOMAS, A. VAN WAGENEN & S. STERN. 2007. Zygomorphy and heteranthery in *Solanum* in a phylogenetic context. *Acta Hort.* 745: 201.
<https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2007.745.8>
- BOLIGON, D. S. 2007. Variação nos tricomas de *Solanum sisymbriifolium* (Solanaceae) e herbivoria por larvas de *Gratiana spadicea* (Coleoptera, Chrysomelidae). Tesis de Maestría en Biología Animal. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- BORCARD, D., F. GILLET & P. LEGENDRE. 2011. Numerical ecology with R. *Use R!* Springer-Verlag New York. <https://doi.org/10.1007/978-1-4419-7976-6>
- BOYD, J.W., D.S. MURRAY & R.J. TYRL .1984. Silverleaf nightshade, *Solanum elaeagnifolium*, origin, distribution, and relation to man. *Econ. Bot.* 38: 210-217. <https://doi.org/10.1007/BF02858833>
- BRETAGNOLLE, F., J.D. THOMPSON & R. LUMARET. 1995. The influence of seed size variation on seed germination and seedling vigour in diploid and tetraploid *Dactylis glomerata* L. *Ann. Bot. Mem.* 76: 607-615.
<https://doi.org/10.1006/anbo.1995.1138>
- BRUNIARD, E. D. 1982. La diagonal árida argentina: un límite climático real. *Revista Geogr.* 95: 5-20.
- BRUNO, G., M.T. COSA & N. DOTTORI. 1999. Ontogenia de tricomas estrellados en *Solanum elaeagnifolium* (Solanaceae). *Kurtziana* 27: 169-72.
- BUCHMANN, S. L. & J.H. CANE. 1989. Bees assess pollen returns while sonicating *Solanum* flowers. *Oecologia* 81: 289-294.
<https://doi.org/10.1007/BF00377073>
- BURROWS, G.E., R.G. WHITE, J.D.I. HARPER, R.D. HEADY, R. STANTON, X. ZHU, H. WU & D. LEMERLE. 2013. Intrusive trichome bases in the leaves of silverleaf nightshade (*Solanum elaeagnifolium*; Solanaceae) do not facilitate fluorescent tracer uptake. *Amer. J. Bot.* 100: 2307-2317. <https://doi.org/10.3732/ajb.1300034>
- CABRERA, A. L. & A. WILLINK. 1982. Biogeografía de América Latina. Serie Biología. Organización de Estados Americanos: Washington, DC.
- CADENA IÑIGUEZ, J., L.M. RUIZ POSADAS, C. TREJO LÓPEZ, P. SÁNCHEZ GARCÍA & J.F. AGUIRRE MEDINA. 2001. Regulación del Intercambio de gases y relaciones hídricas en chayote *Sechium edule* (Jacq.) Swartz. *Revista Chapingo Ser. Hort.* 7: 21-35.
<https://doi.org/10.5154/r.rchsh.2000.11.079>
- CHIARINI, F. E. & G.E. BARBOZA. 2007. Placentation patterns and seed number in fruits of South American *Solanum* subgen. *Leptostemonum* (Solanaceae) species. *Darwiniana* 45: 163-174.
- CHIARINI, F. 2014. Variation in rDNA loci of polyploidy *Solanum elaeagnifolium* (Solanaceae). *New Zealand J. Bot.* 52: 277-284.
<https://doi.org/10.1080/0028825X.2014.888087>

- CHIARINI, F.E., M.A. SCALDAFERRO, G. BERNARDELLO & ACOSTA, M. C. 2018. Cryptic genetic diversity in *Solanum elaeagnifolium* (Solanaceae) from South America. *Austral. J. Bot.* 66: 531-540. <https://doi.org/10.1071/BT17245>
- CHRISTODOULAKIS, N.S., P.N. LAMPRI & C. FASSEAS. 2009. Structural and cytochemical investigation of the leaf of silverleaf nightshade (*Solanum elaeagnifolium*), a drought-resistant alien weed of the Greek flora. *Austral. J. Bot.* 57: 432-438. <https://doi.org/10.1071/BT08210>
- COLEMAN, J.R. & M.A. COLEMAN. 1982. Reproductive biology of an andromonoecious *Solanum (S. palinacanthum)* Dunal. *Biotropica* 14: 69-75. <https://doi.org/10.2307/2387763>
- COMAI, L. 2005. The advantages and disadvantages of being polyploid. *Nat. Rev. Gen.* 6: 836-846. <https://doi.org/10.1038/nrg1711>
- COSA, M.T., G. BRUNO & N. DOTTORI. 1998. Anatomía de los órganos vegetativos en *Solanum juvenale* y su comparación con *S. elaeagnifolium* (Solanaceae). *Anales Inst. Biol. Univ. Auton. Mexico, Bot.* 69: 9-22.
- D'AMBROGIO de ARGÜESO, A. 1986. *Manual de Técnicas en Histología Vegetal*. Ed. Hemisferio Sur, Buenos Aires, Argentina.
- DE LUCA, P. A., S. BUCHMANN, C. GALEN, A.C. MASON & M. VALLEJO MARÍN. 2019. Does body size predict the buzz pollination frequencies used by bees? *Ecol. Evol.* 9: 4875-4887. <https://doi.org/10.1002/ece3.5092>
- DE MALACH, N., R. RON & R. KADMON. 2019. Mechanisms of seed mass variation along resource gradients. *Ecol. Letters* 22: 181-189. <https://doi.org/10.1111/ele.13179>
- DEL VITTO, L. A. & E.M. PETENATTI. 2015. Sobre la presencia de *Solanum rostratum* (Solanaceae) en Sudamérica: una neófita tóxica de gran potencial como maleza. *Revista Fac. Ci. Agrar. Univ. Nac. Cuyo* 47: 109-121.
- DILCHER, D.L. 1974. Approaches to the identification of angiosperm leaf remains. *Bot. Rev.* 40: 1-157. <https://doi.org/10.1007/BF02860067>
- FERNÁNDEZ, O.A. & R.E. BREVEDAN. 1972. Regeneración de *Solanum elaeagnifolium* Cav. a partir de fragmentos de sus raíces. *Darwiniana* 17: 433-442.
- FICK, S.E. & R.J. HIJMANS. 2017. Worldclim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *Int. J. Climatol.* 37: 4302-4315. <https://doi.org/10.1002/joc.5086>
- GABRIEL, J., P. PORCO, A. ANGULO, J. MAGNE, J. LA TORRE J & P. MAMANI. 2011. Resistencia genética a estrés hídrico en variedades de papa (*Solanum tuberosum* L.) bajo invernadero. *Rev. Latinoam. Papa* 16: 173-208. <https://doi.org/10.37066/ralap.v16i2.178>
- GARCÍA, M., D. JÁUREGUI & D. PÉREZ. 2000. Características del indumento en hojas de cuatro especies del género *Passiflora* L. (Passifloraceae). *Acta Bot. Venez.* 23: 1-8.
- GARCÍA OSUNA, H. T., L. ESCOBEDO BOCARDO, V. ROBLEDO-TORRES, A. BENAVIDES MENDOZA & F. RAMÍREZ GODINA. 2015. Germinación y micropagación de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa*) tetraploide. *Rev. Mexicana Cienc. Agric.* 6: 2301-2311. <https://doi.org/10.29312/remexca.v0i12.763>
- GARRIDO, J. L., P.J. REY & C.M. HERRERA. 2005. Fuentes de variación en el tamaño de la semilla de la herbácea perenne *Helleborus foetidus* L. (Ranunculaceae). *Anales Jard. Bot. Madrid* 62: 115-125. <https://doi.org/10.3989/ajbm.2005.v62.i2.10>
- GARRIDO, S., G.M. DEL CAMPO, M.V. ESTELLER, R. VACA & J. LUGO. 2005. Heavy metals in soil treated with sewage sludge composting, their effect on yield and uptake of broad bean seeds (*Vicia faba* L.). *Water Air Soil Pollut.* 166: 303-319. <https://doi.org/10.1007/s11270-005-5269-4>
- GOPURENKO, D., A. WANG, X. ZHU, B.J. LEPSCHI & H. WU. 2014. Origins and diversity of exotic silverleaf nightshade (*Solanum elaeagnifolium*) present in Australia as determined by sequence analysis of a chloroplast intergenic spacer region. *Nineteenth Australasian Weeds Conference*.
- GOULD, F.W. 1957. Pollen size as related to polyploidy and speciation in the *Andropogon saccharoides* - *A. barbinodis* complex. *Brittonia* 9: 71-75. <https://doi.org/10.2307/2804771>
- GUERRA, M. 1983. O uso da Giemsa na citogenética vegetal. *Ci. & Cult.* 35: 190-193.
- HAUKE, J. & T. KOSSOWSKI. 2011. Comparison of values of Pearson's and Spearman's Correlation Coefficients on the same sets of data. *Quaest. Geogr.* 30: 87-93. <https://doi.org/10.2478/v10117-011-0021-1>
- HIJMANS, R.J. 2019. raster: Geographic Data Analysis and Modeling. *R package version 3.0-7*. <https://CRAN.R-project.org/package=raster>
- HO, J., T. TUMKAYA, S. ARYAL, H. CHOI & A. CLARIDGE-CHANG. 2019. Moving beyond P

- values: Everyday data analysis with estimation plots. *Nat Methods* 16, 565–566. <https://doi.org/10.1038/s41592-019-0470-3>
- HUNZIKER, A.T. 2001. *Genera Solanacearum: The genera of Solanaceae Illustrated, Arranged According to a New System*. Gantner, Ruggell (Liechtenstein).
- INAMDAR, J.A. & M. GANGADHARA. 1977. Studies on the trichomes of some Euphorbiaceae. *Feddes Repert.* 88: 103-111. <https://doi.org/10.1002/fedr.4910880105>
- JENSEN-HAARUP, A.C. 1908. Biological researches among the Argentine bees with special reference to the flowers they visit. In: FRIESE, H. (Ed.) *Die Apiden (Blumenwespen) von Argentina. Fl. & Fauna* 1908: 97–107.
- JOHNSON, H.B. 1975. Plant pubescence: an ecological perspective. *Bot. Rev.* 41: 233-258. <https://doi.org/10.1007/BF02860838>
- JÖRGENSEN, P. 1909. Beobachtungen über Blumenbesuch, Biologie, Verbreitung, usw. der Bienen von Mendoza (Hymenoptera). *Deutsche Entomol. Zeitschr.* 1: 54–65. <https://doi.org/10.1002/mmnd.48019090109>
- JOSSE, J. & F. HUSSON. 2016. missMDA: A Package for Handling Missing Values in Multivariate Data Analysis. *J. Stat. Softw.* 70: 1-31. <https://doi.org/10.18637/jss.v070.i01>
- KLINGENBERG, C. P. 2014. Studying morphological integration and modularity at multiple levels: concepts and analysis. *Philos. Trans. R. Soc. Lond., B, Biol. Sci.* 369: 20130249. <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0249>
- KNAPP, S., L. BOHS, M. NEE & D.M. SPOONER. 2004. Solanaceae: a model for linking genomics with biodiversity. *Compar. Funct. Genom.* 5: 285-291. <https://doi.org/10.1002/cfg.393>
- KNAPP, S., E. SAGONA, A.K.Z. CARBONELL & F. CHIARINI. 2017. A revision of the *Solanum elaeagnifolium* clade (Elaeagnifolium clade; subgenus *Leptostemonum*, Solanaceae). *PhytoKeys* 84: 1-104. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.84.12695>
- KUZNETSOVA, A., P.B. BROCKHOFF & R.H.B. CHRISTENSEN. 2017. ImerTest Package: Tests in linear mixed effects models. *J. Stat. Softw.* 82: 1-26. <https://doi.org/10.18637/jss.v082.i13>
- LEVIN, R.A., N.R. MYERS & L. BOHS. 2006. Phylogenetic relationships among the “spiny solanums” (*Solanum* subgenus *Leptostemonum*, Solanaceae). *Amer. J. Bot.* 93: 157-169. <https://doi.org/10.3732/ajb.93.1.157>
- LEWIS, W.H. 1980. Polyploidy in Species Populations. In: LEWIS W.H. (ed.) *Polyploidy. Basic Life Sciences*, vol 13. Springer, Boston, MA. https://doi.org/10.1007/978-1-4613-3069-1_6
- MABLE, B.K. 2003. Breaking down taxonomic barriers in polyploidy research. *Trends Plant Sci.* 8: 582-590. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2003.10.006>
- MEKKI, M. 2007. Biology, distribution and impacts of silverleaf nightshade (*Solanum elaeagnifolium* Cav.). *EPPO bulletin* 37: 114-118. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2338.2007.01094.x>
- MINCHIN, P.R. 1987. An evaluation of the relative robustness of techniques for ecological ordination. *Vegetatio* 69: 89-107. https://doi.org/10.1007/978-94-009-4061-1_9
- MIONE, T. & G.J. ANDERSON. 1992. Pollen ovule ratios and breeding system evolution in *Solanum* section *Basarthrum*. *Amer. J. Bot.* 79: 279-287. <https://doi.org/10.1002/j.1537-2197.1992.tb14549.x>
- MKULA, N.P. 2006. Allelopathic Interference of Silverleaf Nightshade (*Solanum elaeagnifolium* Cav.) with the Early Growth of Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Master degree in Agronomy. Faculty of Natural and Agricultural Sciences, University of Pretoria, Pretoria. 100 pp.
- MOSCONE, E.A. 1992. Estudios de cromosomas meióticos en Solanaceae de Argentina. *Darwiniana* 31: 261-297.
- MURRAY, B.R., A.H.D. BROWN, C.R. DICKMAN & M.S. CROWTHER. 2004. Geographical gradients in seed mass in relation to climate. *J. Biogeogr.* 31: 379-388. <https://doi.org/10.1046/j.0305-0270.2003.00993.x>
- OKSANEN, J. 2015. Multivariate analysis of ecological communities in R: vegan tutorial. <http://cc.oulu.fi/~jarioksa/opetus/metodi/vegantutor.pdf>
- OKSANEN, J., F.G. BLANCHET, M. FRIENDLY, R. KINTDT, P. LEGENDRE, D. MCGLINN, P.R. MINCHIN, R.B. O'HARA, G.L. SIMPSON, P. SOLYMOS, M.H.H. STEVENS, E. SZOECs & H. WAGNER. 2019. vegan: Community Ecology Package. *R package version 2.5-5.* <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>
- OLMSTEAD, R.G. & J.D. PALMER. 1997. Implications for the Phylogeny, Classification, and Biogeography of Solanum from cpDNA Restriction Site Variation. *Syst. Bot.* 22: 19-29. <https://doi.org/10.2307/2419675>
- OLMSTEAD, R.G. & L. BOHS. 2007. A summary of molecular systematic research in Solanaceae: 1982–2006. In: SPOONER, D.M., L. BOHS, J.

- GIOVANNONI, R.G. OLMSTEAD, D. Shibata (eds) *Solanaceae VI: genomics meets biodiversity. Proceedings of the sixth international Solanaceae conference*. International Society for Horticultural Science, Leuven. *Acta Hort.* 745: 255–268.
<https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2007.745.11>
- OLMSTEAD, R.G., L. BOHS, H.A. MIGID, E. SANTIAGO-VALENTIN, V.F. GARCIA & S.M. COLLIER. 2008. A molecular phylogeny of the Solanaceae. *Taxon* 57: 1159–1181.
<https://doi.org/10.1002/tax.574010>
- ORR-WEAVER, T. L. 2015. When bigger is better: the role of polyploidy in organogenesis. *Trends Genet.* 31: 307–315.
<https://doi.org/10.1016/j.tig.2015.03.011>
- OTTO, S.P. 2007. The evolutionary consequences of polyploidy. *Cell* 131: 452–462.
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2007.10.022>
- PEBESMA, E.J. & R.S. BIVAND. 2005. Classes and methods for spatial data in R. *R News* 5: 9–13.
<https://cran.r-project.org/doc/Rnews/>.
- PEGTEL, D.M. 1999. Effect of ploidy level on fruit morphology, seed germination and juvenile growth in scurvy grass (*Cochlearia officinalis* L. s.l., Brassicaceae). *Pl. Spec. Biol.* 14: 201–215.
<https://doi.org/10.1046/j.1442-1984.1999.00019.x>
- PETENATTI, E.M. & L.A. DEL VITTO. 1991. Morfología y ontogenia de las anteras de *Solanum elaeagnifolium* (Solanaceae) y especies afines y su posible relación con los visitantes. *Kurtziana* 21: 195–204.
- PIERCE, S. 2007. The Jeweled Armor of Tillandsia—Multifaceted or Elongated Trichomes Provide Photoprotection. *Aliso* 23: 44–52.
<https://doi.org/10.5642/aliso.20072301.06>
- PLITMANN, U. & D. LEVIN. 1983. Pollen-pistil relationships in the Polemoniaceae. *Evolution* 37: 957–967.
<https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1983.tb05624.x>
- PRABHAKAR, M. 2004. Structure, nomenclature and classification of stomata. *Acta Bot. Sin.* 46: 242–252.
- RASBAND, W. S. 1997–2018. ImageJ. U. S. National Institutes of Health, Bethesda, Maryland, USA. Disponible en: <http://imagej.nih.gov/ij>.
- R CORE TEAM. 2019. R: A language and environment for statistical computing. *R Foundation for Statistical Computing*, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, Disponible en: <https://www.r-project.org/>.
- ROY, B.A., M. L. STANTON & S.M. EPPLEY. 1999. Effects of environmental stress of leaf hair density and consequences for selection. *J. Evol. Biol.* 12: 1089–1103.
<https://doi.org/10.1046/j.1420-9101.1999.00107.x>
- SAKAI, S. & A. SAKAI. 1994. Flower size-dependent variation in seed size: theory and a test. *Amer. Naturalist.* 145: 918–934.
<https://doi.org/10.1086/285776>
- SÄRKINEN, T., L. BOHS, R. G. OLMSTEAD & S. KNAPP. 2013. A phylogenetic framework for evolutionary study of the nightshades (Solanaceae): a dated 1000-tip tree. *B. M. C. Evol. Biol.* 13: 214.
<https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-214>
- SCALDAFERRO, M., F. CHIARINI, F.F. SANTIÑAQUE, G. BERNARDELLO & E.A. MOSCONE. 2012. Geographical pattern and ploidy levels of the weed *Solanum elaeagnifolium* (Solanaceae) from Argentina. *Genet. Resources Crop Evol.* 59: 1833–1847.
<https://doi.org/10.1007/s10722-012-9807-9>
- SIEBERT, M. W. 1975. Candidates for the biological control of *Solanum elaeagnifolium* Cav. (Solanaceae) in South Africa. 1 Laboratory studies on the biology of *Gratiana lutescens* (Boh.) and *Gratiana pallidula* (Boh.) (Coleoptera: Cassidae). *J. Entomol. Soc. Southern Africa* 38: 297–304.
- SOLTIS, D.E., V.A. ALBERT, J. LEEBENS-MACK, C.D. BELL, A.H. PATERSON, C. ZHENG, D. SANKOFF, C.W. DE PAMPHILIS, P. KERR WALL & P.S. SOLTIS. 2009. Polyploidy and angiosperm diversification. *Amer. J. Bot.* 96: 336–348.
<https://doi.org/10.3732/ajb.0800079>
- STACE, C.A. 1965. Cuticular studies as an aid to plant taxonomy. *Bull. Brit. Mus. (Nat. Hist.), Bot.* 4: 88.
- STANTON, R., J.W. HEAP, R.J. CARTER & H. WU. 2009. Biology of silverleaf nightshade (*Solanum elaeagnifolium*). In: PANETTA, F.D. (ed.) *The biology of Australian weeds Volume 3*, pp. 274–293, R.G. and F.J. Richardson, Melbourne.
- STANTON, R., H. WU & D. LEMERLE. 2012. Factors affecting silverleaf nightshade (*Solanum elaeagnifolium*) germination. *Weed Sci.* 60: 42–47.
<https://doi.org/10.1614/WS-D-11-00105.1>
- STEBBINS, G.L. 1971. *Chromosomal evolution in higher plants*. 216 pp. Edward Arnold, London, UK.
- STEBBINS, G.L. 1985. Polyploidy, Hybridization, and the Invasion of New Habitats. *Ann. Missouri Bot. Gard.* 72: 824–82.
<https://doi.org/10.2307/2399224>
- STRASBURGER, E., F. NOLL, H. SCHENCK & A. SCHIMPER. 1986. *Tratado de Botánica*. Barcelona, España, EM Marin. 1098 pp.

- TSCHEULIN, T. & T. PETANIDOU. 2013. The presence of the invasive plant *Solanum elaeagnifolium* deters honeybees and increases pollen limitation in the native co-flowering species *Glaucium flavum*. *Biol. Invas.* 15: 385–393.
<https://doi.org/10.1007/s10530-012-0293-y>
- VALLEJO-MARIN, M., J.S. MANSON, J.D. THOMSON & S.C.H. BARRETT. 2009. Division of labour within flowers: heteranthery, a floral strategy to reconcile contrasting pollen fates. *J. Evol. Biol.* 22: 828-839.
<https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2009.01693.x>
- VARGAS, E. M., E. CASTRO, G. MACAYA & O.J. ROCHA. 2003. Variación del tamaño de frutos y semillas en 38 poblaciones silvestres de *Phaseolus lunatus* (Fabaceae) del Valle Central de Costa Rica. *Revista Biol. Trop.* 51: 707-724.
- VAUGHTON, G. & M. RAMSEY. 1998. Sources and consequences of seed mass variation in *Banksia marginata* (Proteaceae). *J. Ecol.* 86: 563-573.
<https://doi.org/10.1046/j.1365-2745.1998.00279.x>
- VIGNAM R., O.A. FERNÁNDEZ & R.E. BREVEDAN. 1981. Biología y control de *Solanum elaeagnifolium* Cav. (Revisión bibliográfica). *Revista Fac. Agron. Veteri.* 2: 79-89.
- VONHOF, M.J. & L.D. HARDER. 1995. Size-number trade-off and pollen production by papilionaceous legumes. *Amer. J. Bot.* 82: 230-238.
<https://doi.org/10.1002/j.1537-2197.1995.tb11491.x>
- WENDEL, J.F. 2000. Genome evolution in polyploids. *Pl. Molec. Biol.* 42: 225-249.
https://doi.org/10.1007/978-94-011-4221-2_12
- WOODMAN, R.L. & G.W. FERNÁNDEZ. 1991. Differential mechanical defense: herbivory, evapotranspiration, and leaf-hairs. *Oikos* 60:11-19.
- ZARLAWSKY, G.E. 2014. *Histología Vegetal: técnicas simples y complejas*. Sociedad Argentina de Botánica, Buenos Aires, Argentina.
- ZHU, X.C., H.W. WU, H. RAMAN, D. LEMERLE, R. STANTON & G.E. BURROWS. 2012. Evaluation of simple sequence repeat (SSR) markers from *Solanum* crop species for *Solanum elaeagnifolium*. *Weed Res.* 52: 21-223.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-3180.2012.00908.x>
- ZHU, X.C., H.W. WU, R. STANTON, G.E. BURROWS, D. LEMERLE & H. RAMAN. 2013. Morphological variation of *Solanum elaeagnifolium* in south-eastern Australia. *Weed Res.* 53: 344.
<https://doi.org/10.1111/wre.12032>

ANEXO 1Valores de las variables en las muestras de *Solanum elaeagnifolium* analizadas

Muestra	Linaje	Ploidía	Individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
Moscone 180	Azul	6x			0,0301				265,84603	16	12,987445	15,9863	12,3623	31,919167	64,5761111	
					0,0289				246,82658	15		16,032155	12,00955			
					0,0362				256,39642	16		15,953646	12,15547			
					0,0311				208,21538	16		16,102362	11,98566			
					0,0306				318,14214	16		16,325632	12,11515			
Juliani 36		6x			0,0346				230,44723	16				31,981667	65,0563889	
					0,0352				245,72824	17						
					0,0369				127,58775	17						
					0,0335				318,4815	16						
					0,0344				234,47851	16						
					0,0345											
					0,0335											
					0,0343											
					0,0346											
					0,0363											
Reales 1673					0,0512				130,5301	16				26,759722	66,28	
					0,0526				169,83655	16						
					0,05				139,12228	17						

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
Hunziker 280					0,053				191,41114	16						
					0,0516				98,442046	16						
									158,35928	14	12,37066	13,862813	8,797255	34,416667	58,5791667	
									225,21691	17		13,166285	9,391493			
									177,45196	16		14,267257	8,906982			
									360,15881	17		12,860729	9,22309			
									257,53883	16		13,694826	9,134088			
					0,0325				444,60833	16				38,736111	62,2888889	
					0,0365				246,09233	15						
					0,0341				217,94401	15						
Barboza 2319		4x			0,0369				617,72897	16						
					0,0378				575,50033	18						
Moscone 109									334,51475	18	13,458795	28,268056	19,38558	31,988056	64,5794444	
									254,20359	26		28,598958	21,25643			
									169,79653	24		26,801319	19,45614			
									274,3629	24		27,305	19,6668			
									208,75565	23		28,198194	18,63368			
Cocucci 365									498,56348	16	5,4252778	19,680347	13,79178	30,621944	65,4872222	
									390,52267	17		19,317535	14,74737			
									371,4411	16		19,916875	14,72793			
									409,07542	16		19,720868	15,18333			
									217,81273	16		20,417257	15,00569			

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Subils 3881					0,045				127,24084	11	26,866042	26,399861	12,20596	29,382222	65,2013889		
					0,0442				207,89154	16		26,986111	11,94706				
					0,0442				108,94448	14		28,509549	10,92688				
					0,043				359,87241	16		28,549444	9,305847				
					0,0448				216,5404	16		28,404132	11,56119				
Chiarini 559					0,0442				238,55799	16				29,310278	65,0375		
					0,0421				192,3471	14							
					0,0464				167,87267	15							
					0,0459				259,08885	14							
					0,0415				253,43248	15							
					0,0451												
					0,0394												
					0,0427												
					0,0416												
Hunziker 15924					0,0437												
					0,0189				223,95394	9				31,399444	64,1872222		
					0,0192				271,07532	16							
					0,0195				209,28485	11							
					0,0181				256,27188	15							
					0,0186				236,15294	10							
					0,0371				94,081297	13				31,231944	62,5619444		
					0,0366				88,366246	13							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Bernardello 754					0,0283				95,622695	16							
					0,0297				74,864644	16							
					0,0351				106,29571	16							
Juliani 35		6x			0,017				400,55177	15	19,532986	28,710035	12,84637	31,945	65,19		
					0,0236				523,20991	15		27,908299	12,81927				
					0,0314				462,44056	15							
					0,026				424,84051	15							
					0,0214				352,11043	15							
Bernardello 522		2x			0,0128				172,04322	16	16,712267	25,143576	21,37649	29,9143	64,63625		
					0,0146				159,40593	16		25,832014	21,81049				
					0,0135				89,568839	16		26,251458	19,92166				
					0,0133				163,02842	15			21,6027				
					0,0158				122,25436	16			20,73193				
Moscone 70									175,22451	16				31,441667	64,1958333		
									206,8493	16							
									272,0093	16							
									229,49477	16							
									357,33289	16							
Hunziker 4097									106,25888	14				27,511944	67,8830556		
									81,1112	12							
									356,422	12							
									252,19787	16							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
Brizuela 847									120,24621	15						
									254,6778	16				29,382222	65,2013889	
									345,18537	16						
									265,44613	15						
									160,84907	16						
									286,79689	16						
Urdampille ta 704					0,0462				223,25496	16				27,637222	66,1722222	
					0,0482				162,92418	10						
					0,0465				178,42898	16						
					0,0445				134,13994	16						
					0,045				132,53194	16						
					0,0432											
					0,0452											
					0,0459											
					0,048											
Zygadlo 18					0,044											
									176,28398	15	23,429028	26,564097	16,84351	31,442222	64,3738889	
									141,45995	16		24,984549	18,02596			
									104,94241	15		24,955313	17,07365			
									188,52423	16		24,123715	16,09291			
									156,06579	16		24,157569	16,11062			
									247,8785	16				40,138056	62,66	

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Barboza 2321	Amarillo	4x							210,66684	15							
									219,52502	16							
									257,32095	16							
									362,66387	16							
Moscone 71		6x			0,0306				107,81497	16	28,56059	29,287118	24,62781	31,437222	64,1888889		
					0,0321				185,9324	16		28,321493	22,58997				
					0,0396				177,71554	17		29,659375	22,12837				
					0,0352				235,62347	14		30,898333	23,0891				
					0,0338				238,87735	16		31,679618	24,46514				
Bernardell o 449		6x			0,023				187,67424	16	19,260281	27,563854	19,65481	30,095278	63,9319444		
					0,0241				97,538928	15		28,914653	22,31725				
					0,0269				176,89372	16		29,054097	22,59324				
					0,0248				192,21872	18		27,985417	20,34475				
					0,0242				134,41481	16		28,617951	21,77249				
Chiarini 566					0,0261				221,33267	17				29,789444	64,7286111		
					0,0248				293,03353	16							
					0,0252				228,71749	17							
					0,0254				225,9073	17							
					0,0256				195,91512	16							
					0,0443				237,16987	13				30,735556	64,1252778		
					0,0329				231,24683	13							
					0,0341				398,68343	8							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Scaldaferr o 21					0,0374				333,48123	13							
					0,0431				584,66608	12							
					0,0328												
					0,0395												
					0,04												
					0,0372												
					0,0387												
Scaldaferr o 25									294,27564	16				29,778611	63,9975		
									294,78086	16							
									377,83191	17							
									239,5806	16							
									341,38719	16							
Juliani 34		2x			0,0086				396,14229	16	8,8453342	24,178819	12,95181	-30,91553	-62,67563		
					0,0083				145,23609	16		23,626319	12,20016				
					0,0081				203,02479	16		23,62184	12,9674				
					0,0086				241,07014	16		23,928507	11,73693				
					0,0088				311,63816	16		23,784201	12,53165				
Cantino 505									246,39692	16	12,551215		15,03146	27,633333	66,25		
									196,84271	16			15,63486				
									259,91761	17			15,10542				
									300,59487	16			15,22118				
									451,28516	16			16,44191				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
Reales 1574					0,0353				129,85972	15	8,34375	25,520243	9,611472	26,759722	66,28	
					0,0382				157,97061	15		25,351875	10,35664			
					0,0363				76,748247	16		25,202986	9,820931			
					0,0372				135,89327	16			10,89115			
					0,0375				169,22592	15			11,20026			
					0,0374											
					0,0372											
					0,0367											
					0,0371											
Ariza 3249					0,0347											
									294,68027	14				0	0	
									169,93839	16						
									363,46806	14						
									225,02408	13						
Barboza 2308	Amarillo	4x							220,65154	16						
									363,70453	16				38,123333	61,7972222	
									398,01569	17						
									346,63919	16						
									315,61153	16						
									454,22234	16						
					0,0472				284,20188	13		23,872118	8,456222	29,29758	65,72709	

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud		
Hunziker 25228		2x			0,0456				318,3554	15		21,541875	8,296403					
					0,0469				230,91901	12		21,093958	7,857139					
					0,0455				252,65334	14		22,224931	7,338903					
					0,048				366,00692	14			7,128986					
Moscone 183									234,54792	14	13,327014	16,874444	12,02372	32,691389	64,7236111			
									343,4301	12		15,900208	11,89104					
									196,51152	14		15,953646	11,94625					
									235,1235	15		15,598264	13,06736					
									319,85815	12		16,426528	12,21215					
Chiarini 462					0,0595				114,10421	16				31,410556	64,1730556			
					0,0628				75,977229	16								
					0,0623				90,915212	16								
					0,0645				165,63583	16								
					0,0573				126,80313	16								
					0,0601													
					0,0597													
					0,0611													
					0,0643													
Chiarini 736									392,57503	12	23,817844	27,340729	11,02694	31,406389	64,2308333			
									482,70309	16		27,3425	10,72222					
									381,31538	16		27,382778	10,62292					

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
Sayago 570					0,0182				423,6127	14		27,462813	11,25243			
					0,0201				438,18215	16		28,798681	9,920667			
					0,0236				137,69578	16	9,3294028	26,589618	18,72736	27,65	67,0333333	
					0,0198				174,56425	17		27,321701	20,18674			
					0,0171				193,24992	16		27,697188	17,82667			
Guzman 44					0,0217				80,96301	16		28,510139	18,69913			
					0,0236				106,91036	17		27,519826	20,76715			
					0,0288				220,87877	16				31,437778	64,2	
					0,022				323,31681	15						
					0,0265				202,96058	15						
Zygadlo 16									180,83305	15						
									288,53344	16						
									84,028386	15	16,970551	23,39875	18,56047	32,070833	64,5358333	
									160,06961	15		23,137396	17,85533			
									178,95605	14		22,791424	17,87964			
Moscone 245									318,73873	15		23,484653	18,47496			
									229,32671	15		24,242465	17,24859			
					0,0256				89,073591	16	14,811605	16,589097	8,900228	31,405278	62,5508333	
					0,0278				124,87073	16		15,634861	8,776666			
					0,0226				79,986492	17		17,976597	9,458957			
					0,0253				110,83985	16		17,533299	10,36469			
					0,0256				84,910195	17		17,083333	10,01633			

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Di Fulvio 825					0,0271				81,677617	16	7,5529243	24,449271	15,12122	30,942222	62,9122222		
					0,0272				109,98107	16		22,918472	16,99049				
					0,0266				86,515977	16			17,75632				
					0,028				107,5382	16			15,22243				
					0,0273				140,57061	16			17,01403				
Chiarini 558					0,0238				302,96668	13				29,310278	65,0375		
					0,0244				275,70134	16							
					0,0221				285,29755	14							
					0,0241				245,86346	16							
					0,0229				268,58728	15							
Bernardell o 534					0,0256				254,69099	16				29,793611	64,3244444		
					0,0245				349,58215	17							
					0,0236				341,50732	16							
					0,0245				415,05832	16							
					0,0288				411,37991	16							
Moscone 34					0,031				271,02827	14				29,898889	64,6444444		
					0,0343				175,74663	14							
					0,0287				230,93827	15							
					0,0348				228,83797	14							
					0,0322				247,21025	14							
									223,80828	16	14,933892	19,531806	13,55944	29,776111	63,9997222		
									293,83658	16		20,586493	12,94816				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Chiarini 507									297,13734	16		20,268854	14,15254				
									231,85709	17		20,742396	14,03052				
									271,81082	16		20,510938	13,61556				
Chiarini 565					0,0379				148,83426	14				29,789444	64,7286111		
					0,0382				171,44729	16							
					0,0372				140,74161	16							
					0,0383				340,76096	16							
					0,0372				276,99721	16							
Cocucci 3848									199,90089	16	12,424154	17,511146	12,35507	31,376111	65,4797222		
									167,26542	16		16,059861	13,06017				
									111,58199	16		17,019549	12,45517				
									150,01652	15		17,106458	13,46042				
									184,21119	16		15,839583	13,26389				
Mateseva ch 817									124,43429	11	7,9521111	30,859757	25,79094	30,721667	64,8086111		
									174,09648	16		31,020521	25,23931				
									246,15786	15		31,100347	24,20653				
									141,19368	16		31,896111	26,11701				
									138,32298	16		31,934861	25,07722				
Stuckert 9337									124,38367	15	22,949788	26,309549	16,8469	31,378261	66,2518306		
									131,2791	15		25,109792	18,66518				
									93,239319	15		26,854097	17,04112				
									142,37962	14		26,388889	18,36062				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud		
Arenas 2360									127,97613	14		25,302361	15,91442					
									88,813792	15					23,9	61,85		
									134,61721	16								
									121,78717	15								
									209,40162	14								
									188,78542	16								
CORD 87674									129,65771	16		23,55191	17,2264	28,603333	62,3269444			
									129,40414	17		23,77934	18,01248					
									143,35398	17		23,570243	18,14695					
									190,13014	16		22,79566	19,04636					
									192,22482	14		23,886181	17,234					
									154,63408	16					0	0		
Hunziker 24667									101,75274	16								
									196,65353	15								
									89,139891	16								
									87,440344	16								
					0,0301				123,89383	14			29,077794	67,4962028				
					0,0394				240,27431	14								
Stuckert 11278					0,0312				213,1977	10								
					0,0353				203,05125	15								
					0,0374				163,56724	12								
					0,0344				517,37058	15			31,3525	65,1269444				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Chiarini 928					0,0339				341,87309	16							
					0,0318				331,91827	15							
					0,036				353,15623	16							
					0,0322				390,33674	15							
					0,0327												
					0,035												
					0,0311												
					0,0325												
					0,0326												
Hunziker 24860					0,0352				269,08182	14				31,674722	60,0455556		
					0,0378				203,05461	16							
					0,0342				237,2495	16							
					0,0344				230,76631	16							
					0,0356				227,40402	13							
Ferrucci 2979					0,0695				255,60915	15				33,269167	69,2097222		
					0,0703				320,99581	15							
					0,0682				234,19551	15							
					0,0716				237,05857	16							
					0,0693				165,86476	16							
Barboza 4450									179,28562	16				34,916944	68,855		
									193,93109	16							
									217,99564	16							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud				
Krapovick as 5950									256,53647	15	26,419306	29,246076	18,60965	28,635103	68,4044361					
									278,57937	16		29,356944	18,12139							
									284,2667	16		30,328854	12,64293							
									314,6511	16		28,954236	17,36187							
									306,10741	16		29,080972	17,9356							
Chiarini 890					0,0179				176,84409	16				26,151389	58,5022222					
					0,0258				146,8889	16										
					0,0212				79,842109	14										
					0,0277				158,69968	16										
					0,0196				144,9396	15										
Barb 1944Barb oza 1944		2x							88,416293	15	21,389896	25,978993	17,11691	31,749167	68,1286111					
									94,811468	16		25,672396	18,33979							
									70,040153	8		25,11125	18,34399							
									88,814844	16		24,622639	16,54177							
									79,493359	14		25,671528	15,87288							
Artico 244					0,0313				132,8319	16	18,706841	20,794861	11,50635	38,865	68,88					
					0,03				179,3106	16		20,872778	12,74957							
					0,0338				138,70359	16		20,147986	11,9802							
					0,0305				135,60539	17		22,195521	12,59253							
					0,0346				196,99658	16		21,302569	11,30048							
..									142,47551	16	10,107222	25,63441	22,45104	24,70825	60,59372					
..									299,58112	18		27,192188	22,04856							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Bernardello 503		2x							284,36466	16		27,925313	19,35352				
									127,55262	16			22,10802				
									126,45665	16			20,13534				
Barboza 3246					0,0388				227,17413	14	15,321099	26,653993	12,68465	28,859478	67,696225		
					0,0375				198,49683	13		27,425	12,02531				
					0,0336				179,64225	14		26,737465	12,74783				
					0,0308				159,43642	14		27,655972	13,77184				
					0,0393				161,08174	13		26,528125	14,43642				
					0,0406												
					0,0377												
					0,0274												
					0,0419												
Hunziker 23189									459,18283	15	12,558042	26,791528	8,841583	0	0		
									268,62447	14		26,127813	9,587153				
									452,32971	15		27,035313	9,582806				
									378,40476	16		27,673403	8,919431				
									433,7897	16		27,677604	8,632139				
Ferrucci 2953									173,16565	13				32,523611	68,9936111		
									119,89446	11							
									96,686892	14							
									83,066332	13							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Kurtz 5117									100,81233	14							
									175,5392	16	23,627951	24,808785	16,31472	32,894444	61		
									161,4467	15		25,697813	14,93767				
									116,49896	16		25,744028	18,06635				
									272,49214	16		25,155104	17,19365				
Kurtz 14406									150,38648	16		25,826597	16,02663				
									243,05773	16	18,366754	25,536111	15,63592	28,8667	67,5833		
									106,22985	16		26,148472	17,27431				
									286,30461	16		27,064201	15,90271				
									246,40004	16		27,164132	15,28431				
Artico 241									168,23065	16		25,599688	17,64364				
									182,04804	16				37,319722	65,1069444		
									157,85455	14							
									199,01187	16							
									272,94404	15							
Cocucci 439	4x				0,0455				363,04595	16				37,033333	64,2833333		
					0,0498				259,82961	15							
					0,0475				248,5668	16							
					0,0467				250,14878	16							
					0,0472				248,4173	16							
									119,16032	16	21,491835	23,403194	17,20152	31,674722	60,0455556		

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Chiarini 781					0,0242												
					0,0218												
					0,0259												
					0,0209				133,32972	16	6,3620833	19,64184	13,30314	28,806111	66,9444444		
					0,0198				95,736741	16		19,934549	14,6934				
					0,0207				122,73302	16		19,742882	13,52662				
					0,0195				120,12372	15		19,599097	14,36061				
					0,021				109,46902	15		20,001944	13,85573				
									84,347441	16	23,549072	26,649375	16,92982	27,331111	58,5		
									164,01856	16		25,336181	18,5155				
Pedersen 5789									121,80095	13		25,432708	16,85124				
									131,86156	11		25,32934	16,79889				
									132,30277	16		26,047882	17,877				
									272,59229	14	16,495799	21,761042	15,93247	31,390833	64,1908333		
									334,57317	15		22,6475	14,81139				
Stuckert 8103									254,76578	15			15,69691				
									211,06302	15			14,33854				
									152,17081	16			13,63236				
									149,31022	16	21,808621	24,599132	16,01912	30,721667	64,8086111		
									124,0473	15		24,308021	17,19971				
Mateseva ch 815									232,65695	16		25,361007	16,30873				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud		
Barboza 4337					0,0157				302,44078	16					30,936111	62,89		
					0,0182				381,11776	16								
					0,0179				294,84977	16								
					0,0168				160,9905	16								
					0,0165				332,90602	16								
Ambrosetti 1483		2x							176,29698	16	13,201584	16,650451	10,79718	32,408056	69,2502778			
									177,04333	17		16,970625	11,06838					
									160,51075	16		16,549653	10,7653					
									168,0957	16		16,235451	12,11133					
									189,25056	16		16,962778	10,91285					
Barboza 3160					0,0503				78,903918	16	28,476389	30,289236	22,57233	28,926389	67,5211111			
					0,0588				135,44383	15		30,758958	22,79059					
					0,0437				88,327208	16		30,529757	23,51472					
					0,0543				86,550333	14		30,89809	20,0001					
					0,0557				135,18709	15		31,473889	20,07413					
					0,0417													
					0,0468													
					0,052													
					0,0459													
					0,0501													
					0,0462				131,41585	16	25,936795	27,296597	16,98134	28,753094	68,2046833			

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Biurrun 7225					0,0463												
					0,468												
					0,0749				85,845183	14					29	66,85	
					0,0554				90,218185	13							
					0,0632				79,126723	15							
					0,055				81,242892	16							
					0,0603				79,507756	16							
					0,0626												
					0,0666												
					0,0679												
Galetto 237		4x			0,0663												
					0,0657												
					0,0286				176,41373	16					37,471942	66,0450889	
									114,38093	16							
									122,94379	16							
									98,004709	16							
Lorentz 905									181,83926	16							
									142,02102	14	11,671431	32,67441	9,924292	32,376389	58,5752778		
									228,70379	14		31,568576	10,85215				
									176,40414	15		31,885903	7,343639				
									117,7306	16		32,503646	9,145472				
									243,64198	14		30,590417	9,555556				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Hunziker 24860					0,031				110,67194	16	25,847986	25,855469	17,74761	31,674722	60,0455556		
					0,0333				137,20085	14		25,134359	15,64619				
					0,0315				217,83001	17		24,510335	15,99512				
					0,0345				104,94073	16		25,485786	17,74165				
					0,032				137,67158	16		25,739041	16,17198				
O'Donell 224									102,55286	16		31,124201	23,8599	32,883889	68,8988889		
									180,31975	16		30,613333	23,57535				
									155,39983	16							
									179,31544	14							
									234,19643	16							
Barboza 3159					0,045				427,98427	14	4,2230417	22,432292	15,67569	29,220833	67,7938889		
					0,0456				433,29747	15		21,669444	16,96108				
					0,044				402,6754	14		22,569549	15,63056				
					0,0444				419,44989	14		22,959653	17,11507				
					0,0431				467,00421	15		22,929826	14,83872				
					0,0466												
					0,0422												
					0,0462												
					0,0469												
					0,0491												
					0,0299				145,14332	16	19,974203	20,673125	12,41326	28,786389	66,3825		
									148,72032	16		21,705139	12,67303				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Barboza 3449									155,00516	16		21,067431	11,89269				
									165,83798	17		21,269167	12,51573				
									132,1022	16		20,327778	12,73744				
Steibel 4092									381,28015	16	30,023542	32,15309	21,86174	38,246944	65,1152778		
									312,97631	16		29,875313	21,46498				
									274,61611	16			21,00795				
									301,39572	16			21,50936				
									597,83355	18			21,18479				
Del Vitto 850									419,4083	17	15,190972	23,603438	18,77805	0	0,466666667		
									321,11415	16		24,222986	20,61632				
									272,25161	17		24,635556	19,99628				
									429,26319	18		25,430139	19,15332				
Stuckert 15264									442,92788	16		24,915833	19,15915				
									378,45285	17	26,953403	28,022535	7,923333	33,123056	64,3491667		
									236,94392	16		29,688854	7,611111				
									303,98018	18		28,407882	8,929167				
									243,57143	16		30,104063	8,313403				
Subils 3699									313,5961	16			7,001375				
									285,40781	15	17,175065	22,97059	15,14004	31,325578	66,5834417		
									335,1587	16		22,289931	14,27977				
									229,24359	15		20,835313	13,36869				
									317,25819	16		23,321458	13,44857				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud		
Biurrun 4336					0,0586				213,14479	18		24,602639	14,45697					
					0,0546				231,7274	14					29	66,85		
					0,0589				85,345524	11								
					0,0606				155,86448	15								
					0,0554				235,92661	16								
					0,0612				149,07119	16								
					0,06													
					0,0595													
					0,0569													
					0,0581													
Martinez 486									145,42063	11				25,150278	61,3227778			
									136,63934	16								
									138,37628	16								
									239,6189	18								
									208,91432	16								
Knapp 10470									135,01197	15	27,709722	30,477569	21,67066	32,811389	70,0758333			
									127,95736	11		30,287396	19,61889					
									94,928019	11		30,537014	20,17024					
									117,39973	16		29,449861	21,31955					
									121,47262	16		29,893403	22,14014					
									163,15016	16				25,150278	61,3227778			

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Martinez 314									153,64556	17							
									198,28953	17							
									163,0649	16							
									183,69496	16							
Di Fulvio 1126					0,0346				104,15633	16				30,683333	63,8936111		
					0,0342				122,31334	16							
					0,0355				134,73795	16							
					0,0378				123,54736	16							
					0,0356				74,302004	16							
Kurtz 16036					0,0302				65,702804	14	27,790278	29,080972	16,96737	31,390833	64,1908333		
					0,0356				176,98111	15		30,138958	17,01183				
					0,0321				96,164827	16		27,213819	19,0781				
					0,0343				127,75089	16		28,683333	15,76948				
					0,0313				104,62124	16		29,263229	18,41569				
					0,0328												
					0,0344												
					0,0344												
					0,0322												
Cocucci 5041									326,46412	17	15,578396	18,140035	13,70627	37,876508	66,6547722		
									505,3639	14		18,717813	12,83974				
									418,79557	16		17,867222	13,04907				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Cocucci 1014		2x							270,96028	15	17,003499	20,776875	15,25141	31,42728	68,727		
									401,56312	16		21,135868	14,44133				
									250,8801	16		20,443229	14,39722				
									296,93776	16		21,421007	15,22968				
									274,98025	16		22,136319	14,01253				
Bernardell o 746		6X							113,07282	15				32,376389	58,5752778		
									105,50988	14							
									102,13732	14							
									85,813653	15							
									132,39973	15							
Kurtz 2604									288,01149	16	22,841282	29,188576	20,08559	31,424167	64,1522222		
									301,4311	16		28,615903	20,73343				
									341,26071	17		28,68191	20,61119				
									280,89965	16		28,157222	19,09722				
									398,18298	16		27,165903	21,18506				
Hunziker 25395		4X							140,8297	16				-30,55916	-65,85874		
									120,60571	11							
									84,305024	16							
									118,15102	17							
									105,00206	16							
-	-				0,0413				247,34141	16		23,721146	17,62917	34,941111	68,3633333		
					0,0469				316,93221	14		23,959931	18,06035				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
Reales 2015					0,0456				251,306	16		24,085521	16,03865			
					0,0436				311,50015	13			18,55219			
					0,0455				373,02167	16			17,82222			
Illanes 104									181,08337	16	15,044759	27,525313	15,78729	32,883889	68,8988889	
									174,72439	16		24,149583	19,30868			
									122,37195	16		25,88191	17,94691			
									168,52505	16		26,498403	16,32181			
									194,98846	16						
Hunziker 17338									252,71345	16				29,762222	64,5291667	
									303,7739	15						
									290,2386	15						
									290,62903	15						
									319,47676	15						
Kurtz 911									200,04642	16	7,6945	28,788889	22,28604	31,396389	64,2027778	
									212,43524	11		31,293021	24,02868			
									328,38994	14		31,020833	24,02115			
									413,09543	16		31,779861	24,55948			
									133,70146	16		31,254097	25,18604			
Cocucci 440					0,0462				283,06971	14				38,064217	64,09305	
					0,045				389,06566	17						
					0,0487				300,47924	16						
					0,0396				332,4008	16						

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Galander sn					0,0421				397,49418	14							
									141,70625	16					32,710556	65,2016667	
									156,27534	16							
									204,04387	16							
									147,90451	16							
									210,52176	17							
Riedel 54									182,34488	12	24,545729	28,194514	19,00428	30,382686	66,3188944		
									164,94159	13		28,080382	19,28763				
									213,78168	14		29,604028	15,90846				
									273,39855	15		29,659375	18,94351				
									252,44149	15			19,63691				
									235,82737	15				26,713056	60,7672222		
Kurtz 14206									95,470661	16							
									145,04612	15							
									259,90085	16							
									219,56323	16							
									62,262681	18	24,861979	27,425556	19,96712	34,047222	69,0944444		
									181,91541	18		27,091701	18,39841				
Ambrosetti 1472									79,898712	16		26,540868	18,29172				
									79,970958	18		26,32191	19,05379				
									118,6553	17		27,292361	19,86662				
									133,766	13	23,012695	28,405833	19,95915	25,150278	61,3227778		

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Martinez 524									134,70554	11		28,684688	19,34812				
									106,80307	16		29,018958	20,95562				
									207,85628	16		28,786979	21,6027				
									151,9319	15		28,520972	19,20245				
Cocucci 5760					0,0376				205,89499	16	19,478217	21,209236	13,20613	28,862778	67,5922222		
					0,0388				187,97873	17		22,201042	12,08333				
					0,0366				179,76151	16		21,222292	13,40498				
					0,036				165,7733	16		21,425035	12,2929				
					0,0354				241,64265	16		21,455174	12,9928				
					0,0396												
					0,0355												
					0,035												
					0,0383												
Galetto 232									73,931367	16	32,70066	33,262951	22,80962	-29,17373	-66,65883		
									74,390055	16		31,328056	23,95754				
									72,693688	16		31,579444	23,0516				
									99,180569	16		32,367535	20,94885				
									79,230916	16			24,72545				
Galetto 239	4x								211,59512	15				38,95	68,06		
									273,69841	15							
									208,72802	15							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud		
Chiarini 828					0,0394				185,31985	15								
					0,038				213,56208	16								
					0,0447				114,96157	15						38,865	68,88	
					0,0322				101,18119	16								
					0,0326				141,16339	14								
					0,0427				148,40005	16								
					0,0397				215,58405	16								
					0,0416													
					0,0409													
					0,036													
Barboza 3434					0,0255				75,872661	16	9,898875	30,053472	11,64846	29,862222	64,6613889			
					0,0253				129,73602	15		30,23125	11,23686					
					0,0255				257,49991	16		30,722083	10,71869					
					0,0254				184,19551	14		28,991701	11,71501					
					0,0255				186,19218	16		30,012951	10,75918					
Barboza					0,0529				147,87117	14	8,9305	19,583472	10,43458	28,595	68,7105556			
					0,0557				298,04414	15		19,413299	10,9266					
					0,0554				277,90682	16		19,94941	10,55293					
					0,0562				307,23476	16		19,652153	10,33785					
					0,0532				278,71225	15		19,415278	10,41026					

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
220					0,0537												
					0,0536												
					0,0575												
					0,0573												
					0,0532												
Barboza 3131									216,12788	18	25,155868	26,968507	16,80069	28,596944	68,7113889		
									242,85069	17		26,554306	15,24648				
									233,75159	16		27,105139	12,80389				
									214,47672	18		26,76316	16,53789				
									214,9241	16		27,350625	18,3742				
Barboza 2334									325,47374	13	26,811319	29,619583	10,45453	42,765556	65,0777778		
									318,66387	12		29,193438	9,589444				
									286,73399	14		31,185521	9,282931				
									284,40741	15		29,176667	10,70574				
									171,24362	15		29,398715	9,813264				
Hunziker 25396	4x								122,64419	16				30,561941	65,8359611		
									199,94425	16							
									97,738246	14							
									99,705924	17							
									77,446028	16							
									195,58686	23				29,762222	64,5291667		
									154,22967	18							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Hunziker 17347									179,38168	20							
									237,75243	23							
									205,99013	23							
Hunziker 25403		4x							99,462551	16					30,10323	66,70054	
									99,569629	15							
									116,77946	16							
									82,068964	16							
									177,04811	16							
									259,46116	18	24,458646	28,383403	18,86028	38,529444	67,4669444		
Hunziker 20									167,58165	17		26,409792	18,85642				
									256,01015	17		26,082361	20,36427				
									157,12897	18		25,979757	20,9401				
									328,12641	18		27,041736					
									90,610612	15	21,801324	24,653958	15,10573	29,433333	66,85		
Hunziker 14094									272,23922	16		25,063299	14,33487				
									259,78083	16		24,461111	14,70406				
									187,18569	16		24,106319	15,84256				
									138,28903	14		24,646111	16,20547				
					0,058				132,46568	18				34,616667	58,4505556		
Hunziker 3252					0,0478				124,93344	22							
					0,0574				79,634152	19							
					0,0563				136,92272	17							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
Lorentz 99					0,0592				122,8459	18						
					0,0486							5,9029297	21,898329	14,2049	31,420278	64,1886111
												20,128337	14,58747			
													15,45667			
													14,79052			
													15,91368			
												16,712267	19,486138	15,83715	33,123056	64,3491667
												19,744466	9,563438			
												19,607205	14,10816			
													14,58399			
Stuckert 19468													15,79826			
												3,1062778	14,73809	11,65882	30,400556	64,4638889
												15,474132	9,516181			
												14,638438	11,56913			
												14,61191	9,400417			
Hosseus 210												14,020556	12,03934			
												19,717569	21,331076	11,89142	31,399444	64,1872222
												20,842708	12,15278			
												21,384618	13,94504			
												20,697361	14,04858			
Cocucci 15924												21,757847	12,64004			

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Chiarini 40									21,213189	23,39875	18,56047	31,353333	64,3411111				
									23,137396	17,85533							
									22,791424	17,87964							
									23,484653	18,47496							
									24,242465	17,24859							
Stuckert 16858									24,102118			8,789597	33,123056	64,3491667			
												8,963667					
												8,790819					
												8,414597					
												7,941528					
Kurtz 209									27,430903	28,749826	22,5001	30,721667	64,8086111				
									29,723507	22,88615							
									28,789965	20,58944							
										21,43056							
										21,99757							
Chiarini 824									21,014618	24,693333	18,14563	32,524722	65,2372222				
									24,292847	17,26264							
									26,100764	19,26816							
									26,224826	19,11538							
									25,874479	18,51927							
..									8,2224167	24,134722	17,88986	30,912222	67,2847667				
									24,009097	17,48125							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Hosseus 2638															16,69125		
															16,80785		
															18,21205		
Del Vito 3558											24,861979	27,571528	18,70958	33,729722	66,5130556		
											28,681979	19,23625					
											27,462813	20,70014					
											28,055625	20,61226					
											27,647778	20,99163					
Berg 153											15,578396	20,259826	11,28798	0	0		
											20,751806	12,17323					
												12,19388					
												11,99995					
												12,86735					
Stuckert 16968											27,223021	27,982743	22,50042	26,5075	64,8252778		
											27,922292	21,32861					
												21,27903					
												20,31129					
												20,2641					
Kiesling 4652											22,370278	25,507951	17,85208	31,633914	69,4754389		
											24,081319	18,82764					
											24,547222	16,53493					
											25,563194	18,56715					

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud			
Fortunatto 9942															16,95142				
									3,5860278	19,970069	13,01384	30,316667			69,2				
									18,951701	12,53442									
									19,383472	12,51647									
									18,675278	11,48036									
Cocucci 220		6x									19,306042	13,79576							
											17,724792	21,852951	16,24007	32,1425	65,4105556				
											22,215486	15,97281							
											24,067674	17,29181							
											22,914549	17,91788							
Hunziker 23455												16,51684							
											6,2525417		12,30087	33,729722	66,5130556				
												12,56156							
												13,46809							
												11,66274							
Subils 3589												13,01504							
												5,4192361	23,04184	17,94208	25,900556	64,7108333			
												23,832292	19,37267						
												23,839792	17,78098						
												23,275069	19,27458						
												24,165278	18,04481						
												15,578396	17,764757	11,49278	33,729722	66,5130556			

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Hunziker 16034												18,54375	11,49878				
												18,276944	9,558458				
												18,248056	12,20606				
												17,628646	11,98131				
Novara 8248												19,028924	21,957743	14,57472	25,900556	64,7108333	
												21,18066	15,64042				
												21,254097	14,0525				
												21,744097	15,11035				
												21,361944	14,58927				
Hosseus 2023												20,073785	23,402882	18,07649	0	0	
												23,181146	16,11844				
												24,458056	15,96979				
												22,766146	15,81292				
												24,135729	17,35236				
												28,725					
Fernandez 7195												22,593472	27,670382	20,42778	0	0	
												29,140278	21,37108				
												29,449688	17,8784				
												19,65326					
												22,29264					
Kuntz 0502												28,415	28,93434	21,60469	31,322736	69,4146056	
												28,83559	22,22656				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
Hartz 3503											27,867986	23,32351				
											26,65844					
Matesevach 814									21,845451	23,668646	16,62052	30,721667	64,8086111			
									24,576076	17,37137						
									23,62184	18,59305						
									23,32941	16,81893						
									23,91441	17,03776						
Hosseus 2097									24,791667	26,222049	16,53712	0	0			
									26,331806	17,36167						
									25,497465	16,38948						
									25,814757	16,73972						
									26,90691	17,86358						
Kiesling 3006									21,250104	26,569653	17,77833	30,721667	64,8086111			
									25,891597	19,61754						
									25,308681	18,91389						
									25,591493	18,53528						
									25,526111	20,03083						
Krapovickas 14641									10,373351	26,473715	17,74642	0	0			
									26,779722	17,60455						
									26,806736	17,9817						
									27,338368	18,63389						
									18,60451							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Fortunato 9916									14,028472	20,17309	16,87656	30,85	68,6166667				
									20,404514	15,93413							
									20,892153	16,86056							
									20,607222	16,72632							
									20,034688	15,42934							
Di Fulvio 1112									6,3888889	23,095799	17,49406	30,644911	68,6347611				
									23,643854	18,04552							
									23,263993	18,64424							
									23,196111	17,91788							
									22,343958								
Hunziker 23310									21,111563	22,647083	17,8441	0	0				
									24,705243	16,91767							
									24,400694	17,66566							
									23,656806	19,25816							
									23,731806	18,14323							
Di Fulvio 30									15,950901	31,320069	23,42594	0	0				
									30,744444	21,67847							
									31,430729	22,83372							
									30,731806	22,05767							
										24,09882							
.. ..									24,653646	25,637049	12,86448	0	0				
									25,928472	14,38403							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Hunziker 16035												26,051285	16,17337				
												25,721181	13,91778				
												25,777361	14,2678				
Di Fulvio 799												23,334271	25,885729	16,91167	30,229722	61,4008333	
												25,586111	17,19337				
												25,842674	15,62375				
												25,478819	13,52885				
												25,402813					
Hunziker 23208												26,890174	28,215729	19,81601	0	0	
												28,966667	18,95667				
												28,520694	20,34615				
												28,966424	20,91882				
												21,77069					
Galetto 24												23,904444	28,297986	17,49118	33,729722	66,5130556	
												29,042813	20,19198				
												27,944653	20,07521				
												30,250764	18,15903				
												27,988854	17,51115				
Cocucci 1011	2x											17,295139	32,438368	23,22448	-31,495	-68,64275	
												30,967326	24,26156				
												32,632986	25,02469				
												23,23153					

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica									
Chiarini 917	Azul	6x	2	Hoja 1	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1	Hoja 3					
									masa de semilla				
									cantidad de células epidérmicas pp dd				
									cantidad estomas				
									índice estomático				
									tamaño estomas (μm^2)				
									área tricomas (μm^2)				
									nº de rayos tricoma				
									largo pistilo (mm)				
									largo corola (mm)				
									largo estambres (mm)				
									latitud				
									longitud				

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Chiarini 879	Azul	2x	1	Hoja 1	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1										
				2													
								46	11	19,298246	2,88E+02						
								47	12	20,338983	3,09E+02						
								48	11	18,644068	3,21E+02						
								46	10	17,857143	3,26E+02						
								46	11	19,298246	3,29E+02						
								47	12	20,338983	3,51E+02						
								48	13	21,311475	2,56E+02						
								46	11	19,298246	3,50E+02						
								48	12		20,396E+02						
								48	12		20,356E+02						
								48	13	21,311475	3,23E+02						
								45	12	21,052632	3,17E+02						
								46	11	19,298246	2,65E+02						
								46	12	20,689655	2,90E+02						
								47	12	20,338983	2,90E+02						
								48	12		20,330E+02						
								48	11	18,644068	3,03E+02						
								49	13	20,967742	3,11E+02						
								46	11	19,298246	3,23E+02						
								48	12		20,332E+02						
								45	11	19,642857	2,76E+02						
								44	10	18,518519	3,71E+02						

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
			2	Hoja													
			3	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1	Hoja 3	Hoja									
							45	11	19,642857	3,22E+02							
							46	12	20,689655	3,38E+02							
							44	11	20	3,59E+02							
							48	12	20	3,13E+02							
							49	13	20,967742	3,70E+02							
							50	12	19,354839	2,28E+02							
							50	13	20,634921	3,68E+02							
							51	12	19,047619	2,33E+02							
							51	13	20,3125	3,24E+02							
							48	11	18,644068	2,79E+02							
							46	11	19,298246	3,13E+02							
							46	11	19,298246	3,24E+02							
							48	12	20	2,95E+02							
							49	11	18,333333	2,79E+02							
							49	13	20,967742	2,91E+02							
							46	11	19,298246	3,47E+02							
							48	12	20	3,09E+02							
							46	11	19,298246	3,02E+02							
							49	13	20,967742	2,55E+02							
							51	14	21,538462	3,13E+02							
							50	12	19,354839	2,78E+02							
							48	12	20	3,45E+02							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
					46	11	19,298246	3,12E+02									
			0		0,0631				0,00E+00	220,53145	16				38,913889	69,7913889	
					0,0628				0,00E+00	243,70732	15						
					0,0617				0,00E+00	219,97838	16						
					0,0654				0,00E+00	268,72261	15						
					0,0636				0,00E+00	189,74714	16						
					0,0652				0,00E+00								
					0,0673				0,00E+00								
					0,0597				0,00E+00								
					0,0626				0,00E+00								
					0,0614				0,00E+00								
			1	Hoja 2	Hoja 1				44	9	16,981132	2,69E+02					
									45	10	18,181818	2,74E+02					
									46	11	19,298246	2,44E+02					
									46	11	19,298246	2,10E+02					
									45	11	19,642857	2,68E+02					
									45	11	19,642857	2,25E+02					
									44	10	18,518519	2,04E+02					
									45	10	18,181818	3,41E+02					
									45	12	21,052632	2,49E+02					
									44	12	21,428571	2,16E+02					
									44	10	18,518519	2,81E+02					

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Chiapella 1804	Amarillo	2x	2	Hoja 1	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1										
								45	10	18,181818	2,67E+02						
								44	9	16,981132	2,43E+02						
								45	10	18,181818	2,58E+02						
								45	13	22,413793	2,96E+02						
								44	9	16,981132	2,34E+02						
								45	11	19,642857	2,96E+02						
								43	8	15,686275	2,47E+02						
								46	12	20,689655	2,27E+02						
								46	11	19,298246	3,18E+02						
								45	11	19,642857	2,62E+02						
								44	9	16,981132	2,82E+02						
								45	10	18,181818	2,80E+02						
								44	10	18,518519	2,14E+02						
								44	11	20	2,21E+02						
								45	11	19,642857	3,11E+02						
								44	12	21,428571	3,07E+02						
								45	10	18,181818	3,17E+02						
								45	10	18,181818	2,81E+02						
								46	12	20,689655	3,01E+02						
								44	12	21,428571	1,97E+02						
								46	11	19,298246	2,67E+02						
								45	12	21,052632	3,14E+02						

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	Hoja	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
				Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1	Hoja 3	Hoja									
			2				44	13	22,807018	1,99E+02							
							44	12	21,428571	2,47E+02							
							46	11	19,298246	3,45E+02							
							46	11	19,298246	2,38E+02							
							46	12	20,689655	3,10E+02							
							43	10	18,867925	3,51E+02							
							45	12	21,052632	2,64E+02							
							46	12	20,689655	2,47E+02							
							44	11		20,3,10E+02							
							46	11	19,298246	3,01E+02							
							45	11	19,642857	2,62E+02							
							46	11	19,298246	2,83E+02							
							46	12	20,689655	3,07E+02							
							44	10	18,518519	3,22E+02							
							44	11		20,2,96E+02							
							45	12	21,052632	3,66E+02							
							45	12	21,052632	2,59E+02							
							46	12	20,689655	2,20E+02							
							44	12	21,428571	2,66E+02							
							44	11		20,2,26E+02							
							45	12	21,052632	2,31E+02							
							44	11		20,2,17E+02							

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
			2	Hoja													
			3	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1	Hoja 3	Hoja									
								47	12	20,338983	2,89E+02						
								44	10	18,518519	1,99E+02						
								45	11	19,642857	3,37E+02						
								46	11	19,298246	2,69E+02						
								46	12	20,689655	3,31E+02						
								46	11	19,298246	3,70E+02						
								44	11	20	3,38E+02						
								44	10	18,518519	4,08E+02						
								47	12	20,338983	2,30E+02						
								47	13	21,666667	3,18E+02						
								46	12	20,689655	3,26E+02						
								47	12	20,338983	3,16E+02						
								45	11	19,642857	2,98E+02						
								46	12	20,689655	3,54E+02						
								47	12	20,338983	2,87E+02						
								46	11	19,298246	3,00E+02						
								47	12	20,338983	2,97E+02						
								45	11	19,642857	3,35E+02						
								46	11	19,298246	3,21E+02						
								46	12	20,689655	3,11E+02						
								46	11	19,298246	2,59E+02						
								44	11	20	2,48E+02						

Muestra	Linaje	Ploidía	Individuo	pseudoréplica										
Chiarini 1272	Rojo	2x	1	Hoja 1	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1							
								masa de semilla						
								0,0316						
								cantidad de células epidémicas pp dd						
								cantidad estomas						
								índice estomático						
								tamaño estomas (μm^2)						
								área tricomas (μm^2)						
								nº de rayos tricoma						
								largo pistilo (mm)						
								largo corola (mm)						
								largo estambres (mm)						
								latitud						
								longitud						

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	-	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidémicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
						41	9	18	3,16E+02									
						41	9	18	2,62E+02									
					0	0,0577			0,00E+00	140,10043	15					38,94	69,27	
						0,0568			0,00E+00	110,566	16							
						0,0593			0,00E+00	112,59908	15							
						0,057			0,00E+00	67,092166	16							
						0,0556			0,00E+00	129,56314	14							
						0,0564			0,00E+00									
					1	Hoja 2	Hoja 1											
									42	10	19,230769	2,99E+02						
									40	11	21,568628	2,94E+02						
									40	8	16,666667	2,47E+02						
									41	8	16,326531	2,27E+02						
									40	8	16,666667	2,63E+02						
									41	7	14,583333	2,79E+02						
									41	9	18	2,42E+02						
									42	9	17,647059	3,01E+02						
									43	11	20,37037	3,03E+02						
									41	10	19,607843	2,88E+02						
									41	10	19,607843	3,47E+02						
									42	11	20,754717	2,52E+02						
									41	10	19,607843	3,15E+02						
									41	9	18	3,03E+02						

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Barboza 76	Amarillo	2x	2	Hoja 1	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1										
								40	9	18,367347	2,96E+02						
								40	8	16,666667	2,88E+02						
								43	10	18,867925	3,13E+02						
								42	9	17,647059	2,79E+02						
								40	8	16,666667	2,54E+02						
								42	10	19,230769	3,32E+02						
								42	11	20,754717	3,26E+02						
								41	10	19,607843	3,15E+02						
								40	9	18,367347	3,41E+02						
								40	9	18,367347	3,23E+02						
								40	8	16,666667	3,01E+02						
								40	7	14,893617	2,87E+02						
								43	10	18,867925	3,24E+02						
								41	8	16,326531	2,96E+02						
								40	9	18,367347	2,86E+02						
								41	10	19,607843	2,56E+02						
								40	9	18,367347	3,14E+02						
								41	10	19,607843	2,51E+02						
								41	10	19,607843	2,99E+02						
								42	9	17,647059	3,15E+02						
								40	9	18,367347	3,32E+02						
								40	10	20	3,22E+02						

Muestra	Linaje	Ploidía	Individuo	pseudoréplica
Scaldaferr o 3	Amarillo	2x	1	masa de semilla
				cantidad de células epidérmicas pp dd
				cantidad estomas
				índice estomático
				tamaño estomas (μm^2)
				área tricomas (μm^2)
				nº de rayos tricoma
				largo pistilo (mm)
				largo corola (mm)
		2	Hoja 1	índice estomático
				tamaño estomas (μm^2)
				área tricomas (μm^2)
			Hoja 2	nº de rayos tricoma
				largo pistilo (mm)
				largo corola (mm)
			Hoja 3	índice estomático
				tamaño estomas (μm^2)
				área tricomas (μm^2)
				nº de rayos tricoma
				largo pistilo (mm)
				largo corola (mm)
				largo estambres (mm)
				latitud
				longitud

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud
					44	9	16,981132	2,16E+02								
					43	8	15,686275	2,16E+02								
					42	12	22,222222	2,65E+02								
					43	11	20,37037	2,77E+02								
					44	10	18,518519	2,05E+02								
					44	11	20	2,74E+02								
					44	11	20	2,32E+02								
					46	12	20,689655	2,76E+02								
					45	12	21,052632	3,34E+02								
					42	11	20,754717	2,64E+02								
					44	12	21,428571	2,92E+02								
					43	12	21,818182	3,18E+02								
					44	10	18,518519	2,88E+02								
					41	10	19,607843	2,41E+02								
					45	9	16,666667	3,13E+02								
					44	10	18,518519	3,35E+02								
					45	9	16,666667	2,60E+02								
		0			0,0417			0,00E+00	110,32119	16	25,497569	27,80625	18,95948	30,893333	65,0113889	
		0			0,0425			0,00E+00	127,03771	18		27,951285	18,7433			
		0			0,0402			0,00E+00	160,43977	16		27,348958	19,47865			
		0			0,0426			0,00E+00	129,48781	15		27,410521	18,14149			
		0			0,0415			0,00E+00	92,740151	16		28,043958	18,39125			

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica							
					masa de semilla						
					cantidad de células epidérmicas pp dd						
					cantidad estomas						
					índice estomático						
					tamaño estomas (μm^2)						
					área tricomas (μm^2)						
					rº de rayos tricoma						
					largo pistilo (mm)						
					largo corola (mm)						
					largo estambres (mm)						
					latitud						
					longitud						
Barboza 2010	Amarillo	4x	1	2	Hoja 1	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1	pseudoréplica		
					41	7	14,583333	3,15E+02			
					40	7	14,893617	3,29E+02			
					41	8	16,326531	3,33E+02			
					42	9	17,647059	3,31E+02			
					41	8	16,326531	2,98E+02			
					43	8	15,686275	3,17E+02			
					42	9	17,647059	4,21E+02			
					42	9	17,647059	2,63E+02			
					44	9	16,981132	3,20E+02			
					42	8	16	3,15E+02			
					40	7	14,893617	3,11E+02			
					40	8	16,666667	2,84E+02			
					42	8	16	3,90E+02			
					40	7	14,893617	3,60E+02			
					41	8	16,326531	3,93E+02			
					40	8	16,666667	4,29E+02			
					41	7	14,583333	3,40E+02			
					41	9	18	3,31E+02			
					41	8	16,326531	3,55E+02			
					40	8	16,666667	3,46E+02			
					42	7	14,285714	3,83E+02			
					41	8	16,326531	3,85E+02			

Muestra	Linaje	Ploidía	individuo	pseudoréplica	masa de semilla	cantidad de células epidérmicas pp dd	cantidad estomas	índice estomático	tamaño estomas (μm^2)	área tricomas (μm^2)	nº de rayos tricoma	largo pistilo (mm)	largo corola (mm)	largo estambres (mm)	latitud	longitud	
Filippa 79	4x	2	Hoja 1	Hoja 3	Hoja 2	Hoja 1	Hoja 3										
								42	7	14,285714	2,85E+02						
								41	7	14,583333	2,96E+02						
								42	8	16	3,97E+02						
								42	7	14,285714	3,13E+02						
								40	8	16,666667	3,13E+02						
								40	8	16,666667	2,77E+02						
								39	7	15,217391	3,06E+02						
								41	8	16,326531	2,93E+02						
								40	8	16,666667	3,42E+02						
								42	8	16	2,93E+02						
								41	8	16,326531	2,85E+02						
								40	7	14,893617	2,93E+02						
								40	8	16,666667	3,28E+02						
								40	8	16,666667	3,09E+02						
								42	8	16	2,80E+02						
								43	9	17,307692	3,71E+02						
								44	8	15,384615	2,66E+02						
								44	9	16,981132	3,13E+02						
								43	9	17,307692	3,45E+02						
								42	8	16	3,69E+02						
								41	8	16,326531	2,85E+02						
								42	7	14,285714	3,14E+02						

Muestra	Linaje	Ploidía	Individuo	pseudoréplica																
					masa de semilla															
					cantidad de células epidémicas pp dd															
					cantidad estomas															
						índice estomático														
							tamaño estomas (μm^2)													
								área tricomas (μm^2)												
									nº de rayos tricoma											
										largo pistilo (mm)										
											largo corola (mm)									
												largo estambres (mm)								
													latitud							
														longitud						

ANEXO 2

Poblaciones cromosómicamente estudiadas. Todos los ejemplares están depositados en el Herbario del Museo Botánico de Córdoba CORD

Localidad	Ejemplar de herbario	Ploidía	Latitud	Longitud	Fecha
ARGENTINA. Córdoba, Depto. Tulumba, RN 60, km 900	BERNARDELLO 522	2x	29,91 °S	64,64 °W	1/3/1986
ARGENTINA. Córdoba, Depto. San Justo, Mar Chiquita	JULIANI 34	2x	30,92 °S	62,68 °W	3/22/1988
ARGENTINA. Catamarca, Depto. Capayán	HUNZIKER 25228	2x	29,30 °S	65,73 °W	2/11/1988
ARGENTINA. San Juan, Depto. Caucete, rumbo a la Difunta Correa, RN 141, km 195	BARBOZA 1944	2x	31,74 °S	68,11 °W	12/21/2007
ARGENTINA. Formosa, Depto. Patiño, Las Lomitas	BERNARDELLO 503	2x	24,71 °S	60,60 °W	12/18/1984
ARGENTINA. Formosa, Depto. Patiño, RN 81, a 6 km. de Pozo del Tigre viiniendo desde Las Lomitas	CHIARINI 899	2x	24,85 °S	60,37 °W	3/6/2012
ARGENTINA. Mendoza, Depto. Las Heras, Picheuta	AMBROSETTI 1483	2x	32,68 °S	69,53 °W	2/28/1985
ARGENTINA. San Juan, Depto. Ullum, entre Ullum y Loma de Las Tapias	COCUCCI1014	2x	31,43 °S	68,73 °W	4/5/1998
ARGENTINA. San Juan, Depto. Ullum, entre Ciudad de San Juan y Ullum	COCUCCI 1011	2x	31,50 °S	68,64 °W	4/4/1998
AUSTRALIA. South Australia: Burra, SA5417 Grant Roberts	BURRA, Australia, sn	2x	33,68 °S	138,93 °E	Jun-14
ARGENTINA. Chaco, Depto. 1º de Mayo, al costado de la RN11, entre Resistencia y Colonia Benítez	CHIARINI 879	2x	27,36 °S	59,00 °W	3/4/2012
ARGENTINA. Neuquén, Depto. Zapala, San Antonio	CHIAPELLA 1804	2x	38,91 °S	69,79 °W	2/14/2007
ARGENTINA. Catamarca, Depto. La Paz	COCUCCI 977	2x	28,93 °S	65,09 °W	2/22/1998
ARGENTINA. Formosa, Depto. Patiño, RN 81, entre Ibarreta y Las Lomitas	CHIARINI 892	2x	25,27 °S	59,76 °W	3/5/2012
ESTADOS UNIDOS. Utah State, Washington County, cerca de Zion National Park.	BOHS sn	2x	37,30 °N	113,26 °W	Dec-02
ESTADOS UNIDOS. Texas State, Big Bend National Park.	KURSAR sn	2x	29,16 °N	103,23 °W	Dec-01
MÉXICO. Guanajuato, San Pedro de los Pozos	CHIARINI 1272	2x	21,22 °N	100,49 °W	-
ARGENTINA. Neuquén, Depto. Confluencia	BARBOZA 76	2x	38,94 °S	69,27 °W	1/29/1990
ARGENTINA. Córdoba, Depto. Cruz del Eje, RN 38	SCALDAFERRO 3	2x	30,74 °S	64,79 °W	-
ARGENTINA. Buenos Aires, Pdo. Bahía Blanca, Bahía Blanca, en los alrededores de la ciudad, en baldíos sobre Avda. Colón al 2000	BARBOZA 2319	4x	38,74 °S	62,29 °W	1/23/2010
ARGENTINA. Buenos Aires, Pdo. Villarino, por RP 3, desde Bahía Blanca rumbo a Carmen de Patagones	BARBOZA 2321	4X	40,14 °S	62,66 °W	1/23/2010
ARGENTINA. Buenos Aires, Pdo. Tornquist, Sierra de La Ventana	BARBOZA 2308	4x	38,12 °S	61,80 °W	1/22/2010
ARGENTINA. La Pampa, Depto. Utracán, Ataliva Roca	COCUCCI 439	4x	37,04 °S	64,29 °W	1/16/1990

Localidad	Ejemplar de herbario	Ploidía	Latitud	Longitud	Fecha
ARGENTINA. La Rioja, DEpto. Rosario Vera Peñaloza, por RP 32, 5 km antes del empalme con RN 141, desde Tello a Chepes	FILIPPA 79	4x	31,26 °S	66,34 °W	2/12/2008
ARGENTINA. La Pampa, Depto. Limay Mahuida, entre Chacharramondi y La Reforma	GALETTA 237	4x	37,47 °S	66,04 °W	4/28/1990
ARGENTINA. Chubut, Depto. Rawson, km 54, en las proximidades de Trelew	BARBOZA 2340	4x	43,19 °S	65,29 °W	1/24/2010
ARGENTINA. La Rioja, Depto. Gral. Belgrano, RN 38, km 217-218.	HUNZIKER 25395	4x	30,56 °S	65,86 °W	3/12/1990
ARGENTINA. Neuquén, Depto. Confluencia	GALETTA 239	4x	38,95 °S	68,06 °W	5/2/1990
ARGENTINA. La Rioja, Depto. Gral. Belgrano, RN 38, km 230-232	HUNZIKER 25396	4x	30,56 °S	65,84 °W	3/12/1990
ARGENTINA. La Rioja, Depto. Gral. Peñaloza, RN 38, km 1070-1071	HUNZIKER 25403	4x	30,10 °S	66,70 °W	3/12/1990
ARGENTINA. Córdoba, Depto. Minas, Desde San Carlos Minas, rumbo a Córdoba, por RP 15	BARBOZA 2010	4x	30,90 °S	65,02 °W	2/1/2008
ARGENTINA. Córdoba, Depto. Calamuchita, RP 5.	MOSCONE 180	6x	31,92 °S	64,56 °W	3/13/1988
ARGENTINA. Córdoba, Depto. San Javier, próx. a San Javier	JULIANI 36	6x	31,98 °S	65,06 °W	4/9/1988
ARGENTINA. Córdoba, Depto. San Javier, RN 148, Villa Dolores	JULIANI 35	6x	31,94 °S	65,19 °W	4/5/1988
ARGENTINA. Córdoba, Depto. Capital	MOSCONE 71	6x	31,41 °S	64,23 °W	12/12/1984
ARGENTINA. Córdoba, Depto. Tulumba, Cerro Colorado	BERNARDELLO 449	6X	30,10 °S	64,01 °W	3/4/1984
ARGENTINA. Entre Ríos, Depto. Uruguay, Colonia Caseros	BERNARDELLO 746	6x	32,37 °S	58,57 °W	2/9/1991
ARGENTINA. San Luis, Depto. Junín, RN 146, cerca de Quines	COCUCCI 220	6x	32,14 °S	65,41 °W	Jan-88
ARGENTINA. Santa Fe, Depto. 9 de Julio, RN95	CHIARINI 917	6x	28,01 °S	61,18 °W	3/8/2012
ARGENTINA. Salta, Depto. Gral. Güemes, entre gral. Güemes y Metán, 5 km. antes del Río Juramento	GALETTA 214	6x	25,11 °S	64,99 °W	12/17/1989

ANEXO 3

Resultados estadísticos de cada uno de los modelos, entorno R 3.6.1.

A- COMPARACIONES SOBRE VARIABLES ESTOMÁTICAS

I- Análisis del efecto del NIVEL DE PLOIDÍA

NÚMERO DE CÉLULAS EPIDÉRMICAS ppdd.

Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace Approximation) [glmerMod]
Family: poisson (log)
Formula: N.cel.epid ~ ploidia + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas

AIC	BIC	logLik	deviance	df.resid
3601.7	3628.3	-1794.8	3589.7	624

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.59735	-0.14863	-0.02185	0.12252	0.87257

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.000000	0.00000
plant:acc	(Intercept)	0.000000	0.00000
acc	(Intercept)	0.001079	0.03285

Number of obs: 630, groups: leaf:(plant:acc), 127; plant:acc, 40; acc, 14

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	3.78354	0.01259	300.539	<2e-16 ***
ploidia4x	-0.05695	0.03107	-1.833	0.0668 .
ploidia6x	-0.03384	0.03097	-1.092	0.2746

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr) ploid4x

```
ploidia4x -0.405
ploidia6x -0.406  0.165
convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular

> summary(glmer(N.cel.epid~ploidia2 + (1|acc/plant/leaf), estomas,
family=poisson))
boundary (singular) fit: see ?isSingular
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace
Approximation) [glmerMod]
Family: poisson  ( log )
Formula: N.cel.epid ~ ploidia2 + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas

      AIC      BIC      logLik deviance df.resid
3601.7   3628.3   -1794.8    3589.7      624

Scaled residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-0.59735 -0.14863 -0.02185  0.12252  0.87257

Random effects:
Groups          Name        Variance Std.Dev.
Leaf:(plant:acc) (Intercept) 0.000000 0.00000
plant:acc        (Intercept) 0.000000 0.00000
acc              (Intercept) 0.001079 0.03285
Number of obs: 630, groups: Leaf:(plant:acc), 127; plant:acc, 40; acc, 14

Fixed effects:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  3.78354   0.01259 300.539  <2e-16 ***
ploidia23_6x -0.03384   0.03097  -1.092   0.2746
ploidia24x   -0.05695   0.03107  -1.833   0.0668 .
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:
            (Intr) pl23_6
ploidia23_6x -0.406
ploidia24x   -0.405  0.165
convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular
```

NÚMERO DE ESTOMAS

```
> summary(glmer(N.estomas~ploidia + (1|acc/plant/leaf), estomas,
family=poisson))
```

boundary (singular) fit: see ?isSingular
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace Approximation) [glmerMod]
Family: poisson (log)
Formula: N.estomas ~ ploidia + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas

AIC	BIC	logLik	deviance	df.resid
2707.0	2733.7	-1347.5	2695.0	624

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.04361	-0.19750	-0.02006	0.26009	1.26948

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.000e+00	0.000e+00
plant:acc	(Intercept)	1.625e-10	1.275e-05
acc	(Intercept)	5.966e-03	7.724e-02

Number of obs: 630, groups: leaf:(plant:acc), 127; plant:acc, 40; acc, 14

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	2.33795	0.02850	82.042	< 2e-16 ***
ploidia4x	-0.27349	0.07214	-3.791	0.00015 ***
ploidia6x	-0.15838	0.07107	-2.229	0.02584 *

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	ploid4x
ploidia4x	-0.395
ploidia6x	-0.401 0.158

convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular

```
> summary(glmer(N.estomas~ploidia2 + (1|acc/plant/leaf), estomas, family=poisson))
```

boundary (singular) fit: see ?isSingular
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace Approximation) [glmerMod]
Family: poisson (log)
Formula: N.estomas ~ ploidia2 + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas

AIC	BIC	logLik	deviance	df.resid
2707.0	2733.7	-1347.5	2695.0	624

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.04361	-0.19750	-0.02006	0.26009	1.26948

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.000e+00	0.000e+00
plant:acc	(Intercept)	1.625e-10	1.275e-05
acc	(Intercept)	5.966e-03	7.724e-02

Number of obs: 630, groups: leaf:(plant:acc), 127; plant:acc, 40; acc, 14

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	2.33795	0.02850	82.042	< 2e-16 ***
ploidia23_6x	-0.15838	0.07107	-2.229	0.02584 *
ploidia24x	-0.27349	0.07214	-3.791	0.00015 ***

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	p123_6
ploidia23_6x	-0.401
ploidia24x	-0.395 0.158
convergence code:	0
boundary (singular) fit:	see ?isSingular

ÍNDICE ESTOMÁTICO

```
> summary(lmer(Indice.estoma~ploidia + (1|acc/plant/leaf), estomas))
Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: Indice.estoma ~ ploidia + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas
```

REML criterion at convergence: 2200.1

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.97244	-0.64228	0.04843	0.65482	2.64510

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.1853	0.4304
plant:acc	(Intercept)	0.2694	0.5190
acc	(Intercept)	0.7755	0.8806
Residual		1.5966	1.2636

Number of obs: 630, groups: leaf:(plant:acc), 127; plant:acc, 40; acc, 14

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	19.0220	0.3051	62.339
Ploidia4x	-3.0809	0.7442	-4.140
Ploidia6x	-1.8654	0.7442	-2.507

Correlation of Fixed Effects:

(Intr) ploid4x
ploidia4x -0.410
ploidia6x -0.410 0.168
> summary(lmer(Indice.estoma~ploidia2 + (1|acc/plant/leaf), estomas))
Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: Indice.estoma ~ ploidia2 + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas

REML criterion at convergence: 2200.1

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.97244	-0.64228	0.04843	0.65482	2.64510

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.1853	0.4304
plant:acc	(Intercept)	0.2694	0.5190
acc	(Intercept)	0.7755	0.8806
Residual		1.5966	1.2636

Number of obs: 630, groups: Leaf:(plant:acc), 127; plant:acc, 40; acc, 14

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	19.0220	0.3051	62.339
Ploidia23_6x	-1.8654	0.7442	-2.507
Ploidia24x	-3.0809	0.7442	-4.140

Correlation of Fixed Effects:

(Intr) p123_6
ploidia23_6x -0.410
ploidia24x -0.410 0.168

Análisis del efecto de los LINAJES

NÚMERO DE CÉLULAS EPIDÉRMICAS ppdd.

Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace Approximation) [glmerMod]
Family: poisson (log)
Formula: N.cel.epid ~ Linaje + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas22

AIC	BIC	logLik	deviance	df.resid
2834.5	2859.7	-1411.2	2822.5	489

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.56758	-0.16324	-0.00905	0.13665	0.79303

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.000000	0.00000
plant:acc	(Intercept)	0.000000	0.00000
acc	(Intercept)	0.001363	0.03692

Number of obs: 495, groups: leaf:(plant:acc), 100; plant:acc, 31; acc, 11

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	3.76857	0.01937	194.532	<2e-16 ***
LinajeAzul	0.01813	0.03159	0.574	0.566
LinajeRojo	-0.02250	0.03170	-0.710	0.478

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LnjAzl
LinajeAzul	-0.613
LinajeRojo	-0.611 0.375

convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular

> summary(glmer(N.cel.epid~Linaje2 + (1|acc/plant/leaf), estomas22, family=poisson))
boundary (singular) fit: see ?isSingular
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace Approximation) [glmerMod]
Family: poisson (log)
Formula: N.cel.epid ~ Linaje2 + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas22

AIC	BIC	logLik	deviance	df.resid
2834.5	2859.7	-1411.2	2822.5	489

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.56758	-0.16324	-0.00905	0.13665	0.79303

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.000000	0.00000
plant:acc	(Intercept)	0.000000	0.00000
acc	(Intercept)	0.001363	0.03692

Number of obs: 495, groups: leaf:(plant:acc), 100; plant:acc, 31; acc, 11

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	3.76857	0.01937	194.532	<2e-16 ***
Linaje2Rojo	-0.02250	0.03170	-0.710	0.478
Linaje2Zazul	0.01813	0.03159	0.574	0.566

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	Lnj2Rj
Linaje2Rojo	-0.611
Linaje2Zazl	-0.613 0.375

convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace

NÚMERO DE ESTOMAS

Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace Approximation) [glmerMod]

Family: poisson (log)

Formula: N.estomas ~ Linaje + (1 | acc/plant/leaf)

Data: estomas22

AIC	BIC	logLik	deviance	df.resid
2137.4	2162.6	-1062.7	2125.4	489

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.0999	-0.2311	0.0163	0.2463	1.1874

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.0000	0.0000

```

plant:acc      (Intercept) 0.0000  0.0000
acc            (Intercept) 0.0114  0.1068
Number of obs: 495, groups: leaf:(plant:acc), 100; plant:acc, 31; acc, 11

Fixed effects:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 2.28881   0.05227 43.787 <2e-16 ***
LinajeAzul -0.01214   0.08540 -0.142    0.887
LinajeRojo -0.06334   0.08562 -0.740    0.459
---
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:
        (Intr) LnjaAzl
LinajeAzul -0.612
LinajeRojo -0.610  0.374
convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular

> summary(glmer(N.estomas~Linaje2 + (1|acc/plant/leaf), estomas22,
family=poisson))
boundary (singular) fit: see ?isSingular
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace
Approximation) [glmerMod]
Family: poisson ( log )
Formula: N.estomas ~ Linaje2 + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas22

      AIC      BIC      logLik deviance df.resid
2137.4  2162.6 -1062.7   2125.4     489

Scaled residuals:
    Min      1Q      Median      3Q      Max 
-1.0999 -0.2311  0.0163  0.2463  1.1874 

Random effects:
Groups           Name       Variance Std.Dev.
leaf:(plant:acc) (Intercept) 0.0000  0.0000
plant:acc         (Intercept) 0.0000  0.0000
acc              (Intercept) 0.0114  0.1068
Number of obs: 495, groups: leaf:(plant:acc), 100; plant:acc, 31; acc, 11

Fixed effects:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 2.28881   0.05227 43.787 <2e-16 ***
Linaje2Rojo -0.06334   0.08562 -0.740    0.459
Linaje2Zazul -0.01214   0.08540 -0.142    0.887

```

```
---
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:
  (Intr) Lnj2Rj
Linaje2Rojo -0.610
Linaje2Zazl -0.612  0.374
convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular
```

ÍNDICE ESTOMÁTICO

Linear fixed model fit by REML. T-tests use Satterthwaite's method
[lmerModLmerTest]

Formula: Indice.estoma ~ Linaje + (1 | acc/plant/leaf)
Data: estomas22

REML criterion at convergence: 1792.3

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.78458	-0.66716	0.02386	0.67750	2.49809

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.2261	0.4755
plant:acc	(Intercept)	0.3305	0.5749
acc	(Intercept)	1.7067	1.3064
Residual		1.7915	1.3385

Number of obs: 495, groups: leaf:(plant:acc), 100; plant:acc, 31; acc, 11

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	18.5088	0.6155	7.9678	30.070	1.73e-09 ***
LinajeAzul	-0.4693	1.0064	8.0059	-0.466	0.653
LinajeRojo	-0.5956	1.0030	7.9016	-0.594	0.569

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

```
  (Intr) LnjaZl
LinajeAzul -0.612
LinajeRojo -0.614  0.375
> summary(lmer(Indice.estoma~Linaje2 + (1|acc/plant/leaf), estomas22))
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [lmerModLmerTest]
Formula: Indice.estoma ~ Linaje2 + (1 | acc/plant/leaf)
```

Data: estomas22

REML criterion at convergence: 1792.3

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.78458	-0.66716	0.02386	0.67750	2.49809

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
leaf:(plant:acc)	(Intercept)	0.2261	0.4755
plant:acc	(Intercept)	0.3305	0.5749
acc	(Intercept)	1.7067	1.3064
Residual		1.7915	1.3385

Number of obs: 495, groups: leaf:(plant:acc), 100; plant:acc, 31; acc, 11

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	18.5088	0.6155	7.9678	30.070	1.73e-09 ***
Linaje2Rojo	-0.5956	1.0030	7.9016	-0.594	0.569
Linaje2Zazul	-0.4693	1.0064	8.0059	-0.466	0.653

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	Lnj2Rj
Linaje2Rojo	-0.614
Linaje2Zazl	-0.612 0.375

B- PERMANOVA

MASA SEMILLA

```
> summary(lmer(peso.de.semilla~Linaje2 + (1|Muestra),solanum))
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [lmerModLmerTest]
Formula: peso.de.semilla ~ Linaje2 + (1 | Muestra)
Data: solanum
```

REML criterion at convergence: -4552.2

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-5.4711	-0.4410	-0.0103	0.4291	6.2972

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
--------	------	----------	----------

Muestra (Intercept) 1.479e-04 0.012163
Residual 8.495e-06 0.002915
Number of obs: 561, groups: Muestra, 79

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	0.035713	0.001494	75.123507	23.912	<2e-16	***
Linaje2Amarillo	0.008629	0.005662	74.836623	1.524	0.132	
Linaje2Rojo	-0.005039	0.007227	75.643278	-0.697	0.488	
Linaje2Zazul	0.001909	0.006287	74.896803	0.304	0.762	

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

	(Intr)	Lnj2Am	Lnj2Rj
Linaj2Amrll	-0.264		
Linaje2Rojo	-0.207	0.055	
Linaje2Zazl	-0.238	0.063	0.049

> summary(lmer(peso.de.semilla~Ploidia.1 + (1|Muestra), solanum))
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [
lmerModLmerTest]
Formula: peso.de.semilla ~ Ploidia.1 + (1 | Muestra)
Data: solanum

REML criterion at convergence: -4549.2

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-5.4655	-0.4324	-0.0096	0.4269	6.3023

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	1.497e-04	0.012234
Residual		8.496e-06	0.002915

Number of obs: 561, groups: Muestra, 79

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	0.036786	0.001721	74.984876	21.370	<2e-16	***
Ploidia.12x	-0.002052	0.003610	74.916405	-0.568	0.571	
Ploidia.13_6x	-0.005473	0.004955	74.992395	-1.105	0.273	
Ploidia.14x	0.003386	0.005321	75.819718	0.636	0.526	

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr) Pld.12 P.13_6

```
Ploidia.12x -0.477
Ploid.13_6x -0.347  0.166
Ploidia.14x -0.324  0.154  0.112
> summary(lmer(peso.de.semilla~Ploidia + (1|Muestra), solanum))
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [lmerModLmerTest]
Formula: peso.de.semilla ~ Ploidia + (1 | Muestra)
Data: solanum

REML criterion at convergence: -4549.2

Scaled residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-5.4655 -0.4324 -0.0096  0.4269  6.3023 

Random effects:
Groups   Name        Variance Std.Dev.
Muestra (Intercept) 1.497e-04 0.012234
Residual           8.496e-06 0.002915
Number of obs: 561, groups: Muestra, 79

Fixed effects:
            Estimate Std. Error       df t value Pr(>|t|)    
(Intercept) 0.036786  0.001721 74.984875 21.370 <2e-16 ***
Ploidia2x  -0.002052  0.003610 74.916405 -0.568   0.571    
Ploidia4x   0.003386  0.005321 75.819718  0.636   0.526    
Ploidia6x  -0.005473  0.004955 74.992395 -1.105   0.273    
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:
          (Intr) Ploid2x Ploid4x
Ploidia2x -0.477
Ploidia4x -0.324  0.154
Ploidia6x -0.347  0.166  0.112
```

TRICOMAS

ÁREA DE TRICOMAS

```
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method
['lmerModLmerTest']
Formula: area.tricomas ~ Linaje + (1 | Muestra)
Data: solanum

REML criterion at convergence: 8154.5
```

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.6918	-0.5304	-0.0559	0.4938	4.1419

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	7034	83.87
Residual		3372	58.07

Number of obs: 715, groups: Muestra, 141

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	209.702	7.668	138.098	27.347	<2e-16 ***
LinajeAmarillo	17.767	34.058	138.290	0.522	0.603
LinajeAzul	3.413	51.266	138.296	0.067	0.947

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LnjAmr
LinajeAmrll	-0.225
LinajeAzul	-0.150 0.034

> summary(lmer(area.tricomas~Linaje2 + (1|Muestra), solanum))
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method
['lmerModLmerTest']
Formula: area.tricomas ~ Linaje2 + (1 | Muestra)
Data: solanum

REML criterion at convergence: 8154.5

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.6918	-0.5304	-0.0559	0.4938	4.1419

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	7034	83.87
Residual		3372	58.07

Number of obs: 715, groups: Muestra, 141

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	209.702	7.668	138.098	27.347	<2e-16 ***
Linaje2Amarillo	17.767	34.058	138.290	0.522	0.603
Linaje2azul	3.413	51.266	138.296	0.067	0.947

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr) LnJ2AM
Linaj2Amr11 -0.225
Linaje2zaz1 -0.150 0.034

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method
['lmerModLmerTest']

Formula: area.tricomas ~ Ploidia + (1 | Muestra)
Data: solanum

REML criterion at convergence: 8146.5

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.6931	-0.5331	-0.0554	0.4923	4.1405

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	7035	83.87
Residual		3372	58.07

Number of obs: 715, groups: Muestra, 141

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	210.572	8.447	137.123	24.929	<2e-16	***
Ploidia2x	-18.144	24.193	137.229	-0.750	0.455	
Ploidia4x	14.080	26.671	136.257	0.528	0.598	
Ploidia6x	19.059	36.827	137.238	0.518	0.606	

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr) Plod2x Plod4x

Ploidia2x -0.349

Ploidia4x -0.317 0.111

Ploidia6x -0.229 0.080 0.073

> summary(lmer(area.tricomas~Ploidia.1 + (1|Muestra), solanum))

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method
['lmerModLmerTest']

Formula: area.tricomas ~ Ploidia.1 + (1 | Muestra)

Data: solanum

REML criterion at convergence: 8146.5

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-----	----	--------	----	-----

-3.6931 -0.5331 -0.0554 0.4923 4.1405

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	7035	83.87
Residual		3372	58.07

Number of obs: 715, groups: Muestra, 141

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	210.572	8.447	137.123	24.929	<2e-16 ***
Ploidia.12x	-18.144	24.193	137.229	-0.750	0.455
Ploidia.13_6x	19.059	36.827	137.238	0.518	0.606
Ploidia.14x	14.080	26.671	136.257	0.528	0.598

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

	(Intr)	Pld.12	P.13_6
Ploidia.12x	-0.349		
Ploid.13_6x	-0.229	0.080	
Ploidia.14x	-0.317	0.111	0.073

RAYOS DEL TRICOMA

Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace Approximation) [
glmerMod]

Family: poisson (log)
Formula: N.rayos.tricoma ~ Linaje + (1 | Muestra)
Data: solanum

AIC	BIC	logLik	deviance	df.resid
3408.4	3426.7	-1700.2	3400.4	711

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.9138	-0.1384	0.1152	0.1152	2.6514

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	0	0

Number of obs: 715, groups: Muestra, 141

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	2.743795	0.009835	278.978	<2e-16 ***
LinajeAmarillo	0.014405	0.043684	0.330	0.742

```
LinajeAzul      0.028794   0.065295   0.441     0.659
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:
  (Intr) LnjAmr
LinajeAmr11 -0.225
LinajeAzul  -0.151  0.034
convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular

> summary(glmer(N.rayos.tricoma~Linaje2 + (1|Muestra), solanum,
+ family=poisson))
boundary (singular) fit: see ?isSingular
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace
Approximation) [
glmerMod]
Family: poisson  ( log )
Formula: N.rayos.tricoma ~ Linaje2 + (1 | Muestra)
Data: solanum

      AIC      BIC      logLik deviance df.resid
3408.4   3426.7   -1700.2    3400.4      711

Scaled residuals:
    Min      1Q  Median      3Q      Max
-1.9138 -0.1384  0.1152  0.1152   2.6514

Random effects:
 Groups   Name        Variance Std.Dev.
 Muestra (Intercept) 0         0
Number of obs: 715, groups:  Muestra, 141

Fixed effects:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 2.743795  0.009835 278.978 <2e-16 ***
Linaje2Amarillo 0.014405  0.043684   0.330    0.742
Linaje2Zazul    0.028794  0.065295   0.441     0.659
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:
  (Intr) Lnj2Am
Linaj2Amr11 -0.225
Linaje2Zazl  -0.151  0.034
convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular
```

Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace Approximation) [
glmerMod]
Family: poisson (log)
Formula: N.rayos.tricoma ~ Ploidia + (1 | Muestra)
Data: solanum

AIC	BIC	logLik	deviance	df.resid
3410.2	3433.1	-1700.1	3400.2	710

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.9115	-0.1355	0.1182	0.1182	2.6555

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	0	0

Number of obs: 715, groups: Muestra, 141

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	2.743028	0.010868	252.388	<2e-16 ***
Ploidia2x	-0.002618	0.031284	-0.084	0.933
Ploidia4x	0.022808	0.032957	0.692	0.489
Ploidia6x	0.006378	0.047438	0.134	0.893

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:
(Intr) Ploid2x Ploid4x
Ploidia2x -0.347
Ploidia4x -0.330 0.115
Ploidia6x -0.229 0.080 0.076
convergence code: 0
boundary (singular) fit: see ?isSingular

```
> summary(glmer(N.rayos.tricoma~Ploidia.1 + (1|Muestra), solanum,
family=poisson))
boundary (singular) fit: see ?isSingular
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace
Approximation) [  
glmerMod]  
Family: poisson ( log )  
Formula: N.rayos.tricoma ~ Ploidia.1 + (1 | Muestra)  
Data: solanum
```

```
AIC      BIC    logLik deviance df.resid
3410.2   3433.1  -1700.1   3400.2      710

Scaled residuals:
    Min     1Q  Median     3Q    Max 
-1.9115 -0.1355  0.1182  0.1182  2.6555 

Random effects:
Groups   Name        Variance Std.Dev. 
Muestra (Intercept) 0         0        
Number of obs: 715, groups: Muestra, 141

Fixed effects:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)  
(Intercept) 2.743028  0.010868 252.388 <2e-16 *** 
Plodia.12x -0.002618  0.031284 -0.084   0.933  
Plodia.13_6x 0.006378  0.047438  0.134   0.893  
Plodia.14x  0.022808  0.032957  0.692   0.489  
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:
          (Intr) Pld.12 Pl.13_6 
Plodia.12x -0.347 
Plod.13_6x -0.229  0.080 
Plodia.14x -0.330  0.115  0.076 
convergence code: 0 
boundary (singular) fit: see ?isSingular
```

RASGOS FLORALES

LARGO DE LA COROLA (No hay linaje ROJO)

```
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method
[ 'lmerModLmerTest' ]
Formula: largo.corola ~ Linaje + (1 | Muestra)
Data: solanum
```

REML criterion at convergence: 1661.7

```
Scaled residuals:
    Min     1Q  Median     3Q    Max 
-2.8467 -0.4706  0.0116  0.5132  6.0664 

Random effects:
Groups   Name        Variance Std.Dev. 
```

Muestra (Intercept) 17.779 4.216
Residual 0.497 0.705
Number of obs: 511, groups: Muestra, 115

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	25.1626	0.4016	112.0444	62.659	<2e-16 ***
LinajeAmarillo	1.7142	3.0167	111.7718	0.568	0.5710
LinajeAzul	-6.5313	3.0167	111.7718	-2.165	0.0325 *

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

	(Intr)	LnjAmr
LinajeAmr11	-0.133	
LinajeAzul	-0.133	0.018

Linear mixed model fit by REML.t-tests use Satterthwaite's method
[‘lmerModLmerTest’]
Formula: largo.corola ~ Ploidia + (1 | Muestra)
Data: solanum

REML criterion at convergence: 1660.9

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.8475	-0.4708	0.0140	0.5089	6.0663

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	18.069	4.251
	Residual	0.497	0.705

Number of obs: 511, groups: Muestra, 115

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	25.17335	0.43304	111.01858	58.132	<2e-16 ***
Ploidia2x	-1.78947	1.35685	111.00681	-1.319	0.190
Ploidia4x	4.56798	3.04496	110.76377	1.500	0.136
Ploidia6x	-0.06828	1.95656	111.17081	-0.035	0.972

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

	(Intr)	Ploid2x	Ploid4x
Ploidia2x	-0.319		
Ploidia4x	-0.142	0.045	

```
Ploidia6x -0.221 0.071 0.031
> summary(lmer(largo.corola~Ploidia.1 + (1|Muestra), solanum))
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method
['lmerModLmerTest']
Formula: largo.corola ~ Ploidia.1 + (1 | Muestra)
Data: solanum

REML criterion at convergence: 1660.9

Scaled residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-2.8475 -0.4708  0.0140  0.5089  6.0663 

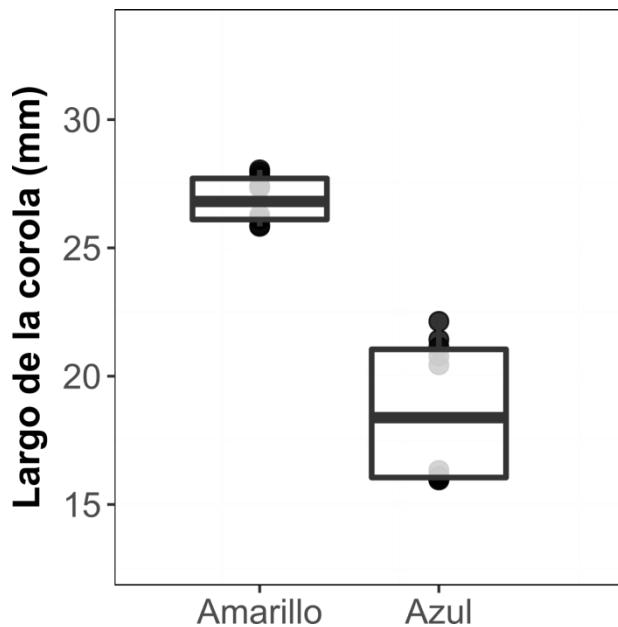
Random effects:
 Groups   Name        Variance Std.Dev. 
Muestra  (Intercept) 18.069   4.251  
Residual           0.497   0.705  
Number of obs: 511, groups: Muestra, 115

Fixed effects:
            Estimate Std. Error       df t value Pr(>|t|)    
(Intercept) 25.17335  0.43304 111.01858 58.132 <2e-16 ***
Ploidia.12x -1.78947  1.35685 111.00681 -1.319   0.190  
Ploidia.13_6x -0.06828  1.95656 111.17081 -0.035   0.972  
Ploidia.14x   4.56798  3.04496 110.76377  1.500   0.136  
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:
          (Intr) Pld.12 P.13_6 
Ploidia.12x -0.319
Ploid.13_6x -0.221  0.071  
Ploidia.14x -0.142  0.045  0.031
```

Los estadísticos para citar esta diferencia son: $z=-2.16$; $P= 0.03$.

No hay mediciones de Linaje Rojo



LARGO PROMEDIO DE LOS ESTAMBRES

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method
['lmerModLmerTest']

Formula: largo.estambres ~ Linaje + (1 | Muestra)
Data: solanum

REML criterion at convergence: 2129.6

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-4.5374	-0.5549	-0.0228	0.6048	3.3790

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	16.5357	4.0664
Residual		0.9581	0.9788

Number of obs: 577, groups: Muestra, 119

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	16.2899	0.3832	115.9341	42.513	<2e-16 ***
LinajeAmarillo	-2.9950	2.9173	115.7920	-1.027	0.307
LinajeAzul	-2.0029	2.3922	115.7933	-0.837	0.404

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr) LnjAmr

LinajeAmr11 -0.131

LinajeAzul -0.160 0.021

> summary(lmer(largo.estambres~Ploidia + (1|Muestra), solanum))

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method

['lmerModLmerTest']

Formula: largo.estambres ~ Ploidia + (1 | Muestra)

Data: solanum

REML criterion at convergence: 2127.9

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-4.5365	-0.5577	-0.0281	0.6055	3.3788

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	16.6877	4.0851
Residual		0.9581	0.9788

Number of obs: 577, groups: Muestra, 119

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	16.2408	0.4109	114.8816	39.521	<2e-16	***
Ploidia2x	-1.3098	1.3053	114.8346	-1.003	0.318	
Ploidia4x	1.5532	2.9361	115.0914	0.529	0.598	
Ploidia6x	0.8597	1.7292	115.3751	0.497	0.620	

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr) Plod2x Plod4x

Ploidia2x -0.315

Ploidia4x -0.140 0.044

Ploidia6x -0.238 0.075 0.033

> summary(lmer(largo.estambres~Ploidia.1 + (1|Muestra), solanum))

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method

['lmerModLmerTest']

Formula: largo.estambres ~ Ploidia.1 + (1 | Muestra)

Data: solanum

REML criterion at convergence: 2127.9

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-4.5365	-0.5577	-0.0281	0.6055	3.3788

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
Muestra	(Intercept)	16.6877	4.0851
Residual		0.9581	0.9788

Number of obs: 577, groups: Muestra, 119

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	16.2408	0.4109	114.8816	39.521	<2e-16 ***
Ploidia.12x	-1.3098	1.3053	114.8346	-1.003	0.318
Ploidia.13_6x	0.8597	1.7292	115.3751	0.497	0.620
Ploidia.14x	1.5532	2.9361	115.0914	0.529	0.598

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	Pld.12	P.13_6
Ploidia.12x	-0.315	
Ploid.13_6x	-0.238	0.075
Ploidia.14x	-0.140	0.044

LARGO DEL PISTILO

Call:

glm(formula = largo.pistilo ~ Linaje, family = gaussian, data = solanum)

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-15.2522	-4.9985	0.8657	5.2498	14.3422

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	18.3585	0.6746	27.212	<2e-16 ***
LinajeAmarillo	6.3614	5.0260	1.266	0.208
LinajeAzul	-2.0856	4.1221	-0.506	0.614

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 49.61019)

Null deviance: 5600.3 on 113 degrees of freedom
Residual deviance: 5506.7 on 111 degrees of freedom
(1628 observations deleted due to missingness)

AIC: 773.56

Number of Fisher Scoring iterations: 2

Call:

```
glm(formula = largo.pistilo ~ Ploidia, family = gaussian, data = solanum)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-15.2872	-5.0335	0.9677	5.2147	14.3072

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	18.3935	0.7156	25.703	<2e-16 ***
Ploidia2x	-2.0894	2.3299	-0.897	0.3718
Ploidia4x	8.4185	5.0093	1.681	0.0957 .
Ploidia6x	1.0888	2.9506	0.369	0.7128

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 49.16264)

Null deviance: 5600.3 on 113 degrees of freedom

Residual deviance: 5407.9 on 110 degrees of freedom

(1628 observations deleted due to missingness)

AIC: 773.49

Number of Fisher Scoring iterations: 2

```
> summary(glm(largo.pistilo~Ploidia.1 , solanum, family=gaussian))
```

Call:

```
glm(formula = largo.pistilo ~ Ploidia.1, family = gaussian, data = solanum)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-15.2872	-5.0335	0.9677	5.2147	14.3072

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	18.3935	0.7156	25.703	<2e-16 ***
Ploidia.12x	-2.0894	2.3299	-0.897	0.3718
Ploidia.13_6x	1.0888	2.9506	0.369	0.7128
Ploidia.14x	8.4185	5.0093	1.681	0.0957 .

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 49.16264)

Null deviance: 5600.3 on 113 degrees of freedom

Residual deviance: 5407.9 on 110 degrees of freedom

(1628 observations deleted due to missingness)

AIC: 773.49

Number of Fisher Scoring iterations: 2