

SIMPOSIOS

la diferenciación, aunque el análisis de las relaciones entre las especies mediante datos genómicos y cromosómicos evidencia la existencia de diversidad interespecífica. El presente estudio ejemplifica el valor del enfoque taxonómico integrador para resolver conflictos en la delimitación de especies.

AFINIDADES GENÓMICAS ENTRE EL MAÍZ Y LOS TEOSINTES REVELADAS POR CITOGENÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR

González G.E.¹. IIEGEB-CONICET, Argentina. mamilila@yahoo.com

El análisis conjunto de las homologías citogenómicas reveladas por GISH y por el apareamiento meiótico en especies e híbridos evidenció las relaciones evolutivas intra e interespecíficas del género paleopoliploide *Zea*. Mediante GISH se infirió la alta afinidad genómica del maíz (*Z. mays* ssp. *mays*) con *Z. m.* ssp. *parviglumis* (su antecesor putativo) y con *Z. m.* ssp. *mexicana*, y la baja homología con *Z. m.* ssp. *huehuetenanguensis*. El ADN de *Z. luxurians* mostró alta afinidad al hibridar homogéneamente los cromosomas de maíz, aunque se detectó menor homología al hibridar con el ADN de *Z. diploperennis*. Experimentos de GISH hibridando ADN de *Z. perennis* sobre cromosomas de maíz permitieron inferir la existencia de reestructuraciones cromosómicas entre los genomas parentales ancestrales ocurridas durante los procesos de hibridación y poliploidía que tuvieron lugar en la evolución del maíz y los teosintes. El análisis de las configuraciones meióticas, mediante GISH, en *Z. perennis* x maíz ($2n=30$) permitió postular que el maíz no comparte uno de sus genomas parentales con *Z. perennis*. Estudios recientes de la meiosis de híbridos tratados con colchicina mostraron que la diploidización citológica en el género ocurre por restricción del apareamiento entre cromosomas homeólogos por la presencia de genes *Ph-like* y/o por divergencia genética de cromosomas homeólogos. Por otra parte, se determinó el origen de la variación del tamaño del genoma y su relación con factores ecogeográficos en las razas de maíz nativas del norte de Argentina, las que además se caracterizaron citogenéticamente.

RECONSTRUCCIÓN FILOGENÉTICA DEL GÉNERO *Tephrocactus* (CACTACEAE) BASADA EN DATOS MOLECULARES, MORFOLÓGICOS Y CITOGENÉTICOS

Las Peñas M.L.¹. IMBIV, Argentina. laulaspenas@yahoo.com.ar

Tephrocactus es un género de Cactaceae perteneciente a la subfamilia Opuntioideae, cuyas especies son, en su mayoría, endémicas de Argentina. Posee matas con ramas laxas, formadas por artejos globosos, frutos secos y semillas con arilo seminal blando arenquimático. La taxonomía del género ha sido inestable y controvertida. En este trabajo presentamos una hipótesis filogenética en base a datos moleculares (*trnK-matK* y *psbA-trnH*) que incluye el total de las especies de *Tephrocactus*, permitiendo evaluar la monofilia del género y discernir su posición dentro de Opuntioideae. Por otra parte, se obtuvieron los recuentos cromosómicos, cantidad de heterocromatina, genes de ADNr y contenido de ADN, de todas las especies. El número cromosómico en las especies del género es variable con $2n=22, 44, 77, 88, 242, 319$. El contenido de ADN 2C mostró una correlación significativa y positiva con el nivel de ploidía y el número de genes de ADNr. En base al conjunto de nuevas evidencias moleculares, morfológicas y citogenéticas se proponen tendencias evolutivas de caracteres citogenéticos y morfológicos. Los caracteres más informativos para reconstruir la historia evolutiva del género son: número cromosómico, contenido de ADN, número de sitios ADNr, arbustos con articulaciones, hojas caducas, color de los tépalos, frutos secos y semillas con arilo seminal blando. La diversificación del género se asocia con tres eventos de poliploidía, lo que podría estar asociada a la reproducción vegetativa que permite en las especies mantener altos niveles de ploidía $2x=22$ y 29 .

PARIENTES SILVESTRES DE LA PAPA: HERRAMIENTAS CITOGENÉTICAS Y GENÓMICAS PARA EVALUAR HOMOLOGÍA CROMOSÓMICA Y COLINEALIDAD

Gaiero P.¹, F. Vilaró², E. Schranz³, H. De Jong³, P. Speranza¹. ¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ²Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Uruguay; ³Wageningen University and Research, Holanda. pgaiero@fagro.edu.uy

En este trabajo se presentan las características citogenéticas y genómicas de *Solanum commersonii* y *S. chacoense*, parientes silvestres de la papa cultivada usados en mejoramiento por hibridación introgresiva.