

#### **IV Ciclo de seminarios sobre avances en la caracterización genética y molecular de la apomixis en gramíneas forrajeras**

**Fecha de realización:** 25 al 27 de Noviembre de 2014 **Font:** Times New Roman. Tamaño: 12.

#### **Instrucciones para escribir los abstracts**

**Título:** En mayúsculas.

**Autores:** Apellido seguido de iniciales, con separación con comas entre diferentes autores.

**Afiliación:** indicada con superíndices numéricos ligados al nombre del autor. Las distintas afiliaciones se separan por punto y coma. Al final colocar el email del primer autor.

Texto: máximo de 2800 caracteres con espacios

Ver un ejemplo de abstract en la página siguiente.

Ejemplo de abstract:

## **RELACIÓN ENTRE EL CONTENIDO DE ADN Y LAS CARACTERÍSTICAS BIOLÓGICAS EN *PASPALUM***

Galdeano F<sup>1</sup>, Urbani M<sup>1</sup>, Honfi A<sup>2</sup>, Matzk F<sup>3</sup>, Quarín CL<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Pcia. de Corrientes; <sup>2</sup>IBS (Universidad Nacional de Misiones-CONICET); <sup>3</sup> Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), 06466, Gatersleben, Alemania. E-mail: floppy@agr.unne.edu.ar

La estimación del contenido de ADN mediante citometría de flujo ha facilitado los estudios sobre su relación con la historia de vida, los sistemas genéticos, y la evolución en diferentes especies de plantas. Se ha sugerido usar el término “valor C” en referencia al contenido de ADN del complemento haploide cromosómico entero (n), y el término “valor Cx” en referencia al contenido de ADN del juego cromosómico monoploide, es decir, del número básico de cromosomas. En plantas superiores de los géneros *Veronica*, *Hieracium* y *Hypericum* se ha documentado la existencia de correlación entre el tamaño del genoma y diferentes características biológicas. El objetivo de este trabajo fue determinar si el tamaño del genoma y algunos caracteres biológicos están correlacionados en el género *Paspalum*, especialmente en referencia al modo de reproducción, el nivel de ploidía, y los conceptos actuales sobre la clasificación taxonómica infragenérica. Se determinó el contenido relativo de ADN en picogramos (pg) por citometría de flujo en 46 especies del género *Paspalum*. Se analizaron 75 entidades (especies, variedades, citotipos o biotipos) de las cuales 31 eran de reproducción sexual y 44 apomícticas; 16 diploides y 59 poliploides. Se consideró el contenido relativo de ADN del juego de cromosomas monoploide (valor Cx) de cada entidad. El contenido relativo de ADN promedio para las entidades sexuales fue de 0,68 pg, mientras que para las apomícticas fue de 0,69 pg, no existiendo diferencias significativas en el valor de contenido relativo de ADN entre entidades sexuales y apomícticas. Cuando se analizaron las entidades de acuerdo con su nivel de ploidía, el valor Cx varió en promedio de 0,57 pg en entidades pentaploides a 0,74 pg en entidades diploides, pero las diferencias no resultaron estadísticamente significativas. Se observaron variaciones en el contenido relativo de ADN (valor Cx) entre las cuatro categorías infragenéricas, seleccionadas por estar mejor representadas en número de entidades en este estudio. El grupo Dilatata (8 entidades), reflejó menor valor Cx con un promedio de 0,52 pg. Este valor Cx fue estadísticamente diferente de los valores de las otras categorías infragenéricas analizadas: los grupos Notata y Plicátula y el subgénero Anachyris. El grupo Notata (14 entidades en cuestión) mostró un Cx promedio de 0,65 pg, estadísticamente diferente de Dilatata, Plicatula y Anachyris; mientras que Anachyris, con 7 entidades, presentó el mayor valor Cx con un promedio de 0,84 pg; sin embargo el contenido de ADN del subgénero Anachyris no fue estadísticamente diferente del observado en el grupo Plicatula (16 entidades representadas) con un valor Cx promedio de 0,82 pg. Estos resultados nos permiten concluir que el tamaño del genoma en el género *Paspalum* no está relacionado con el modo reproductivo ni el nivel de ploidía de las entidades que lo integran; mientras que sí está

relacionado con eventos que en la historia evolutiva del género llevaron a las diferencias morfológicas en las que están basados las distintas agrupaciones infragenéricas consideradas actualmente.