

# ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO DE LINEAS DE *TRITICUM AESTIVUM* L. DERIVADAS DE HÍBRIDOS DE TRIGO COMUN POR *SECALE CEREALE* L. Y TRITICALE-6x

Nicolás Jouve, Araceli Fominaya, J. Manuel González  
y Esther Ferrer

Recibido: 17 febrero 1982

PRESENTADO POR EL ACADÉMICO NUMERARIO D. ENRIQUE SÁNCHEZ-  
MONGE

An investigation of chromosome structure was made in the following lines of hexaploid wheat: '113', '114' and '119' (derived by selfing from [(*T. aestivum* L. cv 'H-53' x *S. cereale* L.) x *T. aestivum* L. cv. 'H-53']) and '6801', '6805' and '6829' (derived by selfing from the hybrid Triticale-6x cv. 'Cachirulo' x *T. aestivum* L. cv. 'Marfed ERT-1'). The chromosome structure of all varieties differ from the primitive chromosome structure of 'Chinese Spring' by one ('119'), two ('113', '6801', '6805' and '6829') or three translocations ('114'). Analyzing the meiosis of crosses between monosomic lines of 'Chinese Spring' with '114', '6801', '6805' and '6829', it was found that two main reciprocal translocations involving chromosomes 1A and 4D on one hand, and chromosome 3D and other no identified on the other, differentiate '114' from 'Chinese Spring'. '6801', '6805', '6829' and 'Marfed ERT-1' is presumed to have in common one important translocation involving the chromosomes 1D and 4D relative to 'Chinese Spring'.

## Introducción

La poliploidía ha sido el mecanismo citogenético principal determinante de la evolución del género *Triticum*. El trigo común, *Triticum aestivum* L. ( $2n = 6x = 42$ , y fórmula genómica AA BB DD) es un alohexaploide natural, derivado evolutivamente de la hibridación y posterior duplicación cromosómica de especies diploides. El trigo común es portador de tres genomas en condición diploide, con número básico de siete cromosomas cada uno, denominados A, B y D, y procedentes de tres especies diploides cuyos representantes

actuales más próximos parecen ser *T. monococcum boeoticum*, *T. speltoides* y *T. tauschii*, respectivamente.

Las translocaciones cromosómicas han supuesto un segundo mecanismo citogenético determinante de la evolución del género *Triticum*, y han conducido a una importante variación intraespecífica. Numerosas líneas cultivadas o no de *Triticum aestivum* L. muestran translocaciones recíprocas, que en algunos casos han sido estudiadas e identificados los cromosomas implicados (revisión de Larsen, 1973; Baier *et al.*, 1974; Vega and Lacadena, 1982). La presencia de translocaciones entre variedades de trigo puede suponer un problema en el intento de obtención de sustituciones cromosómicas u otros aneuploides (Morris and Sears, 1967; Law and Worland, 1973), así como dificultar la localización de genes en los análisis monosómicos (Sears, 1957; Unrau *et al.*, 1956). Para el estudio de la estructura cromosómica de los cultivares de trigo común se ha adoptado como modelo de referencia la que posee la variedad 'Chinese Spring', bajo la suposición de que este cultivar encierra la estructura cromosómica primitiva de los trigos hexaploides.

La domesticación y manipulación del material vegetal, y más concretamente de los trigos por el hombre, han supuesto un factor adicional que ha acelerado la evolución cariotípica del género *Triticum*. Además, se han producido nuevas formas no ensayadas por la naturaleza, de las que el alopoloide artificial Triticale ( $2n = 6x = 42$ ; y fórmula genómica AA BB RR) es el mejor ejemplo. También se han obtenido autoploides, aneuploides, formas de adición o sustitución cromosómica, injertos cromosómicos, etc.

De forma espontánea, o como consecuencia de la manipulación por el hombre, son hoy numerosos los cultivares de trigo portadores de sustituciones y translocaciones cromosómicas. Tal es el caso de la sustitución 1B/1R que presentan algunas variedades cultivadas centroeuropeas, tales como 'Zorba', 'Salzmünder Bartweizen' (= Selection 14/44), 'Weique Substitution', 'Orlando', 'Neuzucht', 'Riebesel 47/51', 'Wentzel', 'Weihestephan 1007/53' y 'Saladin' (Zeller and Fischbeck, 1971; Zeller, 1972, 1973; Zeller and Baier, 1973; Mettin *et al.*, 1973; Blüthner and Mettin, 1974). La aplicación de la tinción Giemsa ha permitido identificar intercambios cromosómicos trigenocenteno en los cultivares 'Transfer' y '40' de trigo común (Gill and Kimber, 1977).

En este trabajo se presentan los resultados del análisis citogené-

tico de dos series de líneas con morfología de trigo común, pero con la intervención del centeno, *Secale cereale* L. ( $2n = 14$ , y fórmula genómica RR) en su pedigrí. El origen, fenotipo y determinadas características agronómicas de las citadas líneas permiten considerarlas como de interés para futuros programas de mejora de trigo común y triticale hexaploide. El análisis citogenético desarrollado tiene por finalidad detectar la existencia de una posible variación estructural cromosómica diferencial entre las diversas líneas, paralela a la diversidad morfológica observable, y detectar la posible existencia de sustituciones cromosómicas trigo-centeno.

### Material y métodos

El material vegetal utilizado en este trabajo está compuesto por dos series de líneas. Cada grupo de líneas tiene su origen a partir de un único híbrido, entre un cultivar de trigo común y *Secale cereale* L. (primera serie) o Triticale hexaploide (segunda serie), seguido o no de un retrocruzamiento por el parental trigo, y sucesivas generaciones de autofecundación. Los genotipos utilizados y líneas obtenidas son los siguientes:

— [(*T. aestivum* cv. 'H-53' × *S. cereale*) × *T. aestivum* cv. 'H-53'] → autofecundación durante 26 generaciones → '113', '114', '119'.

— [(Triticale cv. 'Cachirulo' × *T. aestivum* cv. 'Marfed ERT-1')] → autofecundación durante seis generaciones → '6801', '6805' y '6829'.

Cada línea de las '113', '114', '119', '6801', '6805' y '6829' representa un tronco desgajado de los restantes desde la primera generación de autofecundación.

Para el análisis de la estructura cromosómica se realizaron observaciones de apareamiento en primera metafase de la meiosis de los híbridos interlineares. Para la identificación de cromosomas implicados en las translocaciones detectadas se han utilizado los monosómicos de la variedad 'Chinese Spring' como marcadores citogenéticos.

Se han llevado a cabo controles del número de cromosomas en todas las plantas analizadas. El recuento cromosómico se realizó en células de meristemas radiculares, tras fijación de raíces en alcohol acético (3:1) y tinción Feulgen. Las observaciones del apareamiento

cromosmámico se realizaron en un centenar de células madres de polen (CMP) por planta. Las antenas, tras control del estado meiótico de las CMPs, se fijaron con alcohol:acético (3:1), se tiñeron con Feulgen, y las preparaciones se hicieron permanentes tras montaje con Sandeural.

### Resultados y discusión

En la tabla 1 se registran los resultados relativos a los patrones de apareamiento y frecuencias de las diferentes configuraciones cromosómicas observadas en la meiosis de las CMPs de los híbridos interlineares utilizados en este trabajo. Son hechos a destacar los siguientes:

- todos los híbridos incluyendo 'Chinese Spring', como un parental, presentaron CMP con 21 bivalentes, en mayor o menor proporción. Este hecho descarta la posibilidad de existencia de sustituciones cromosómicas trigo-centeno en las líneas analizadas,
- todas las líneas mostraron divergencia cromosómica estructural respecto a 'Chinese Spring', como lo demuestra el hecho de que en todos los híbridos con esta variedad aparecieran multivalentes,



Fig. 1.—Configuración meiótica de 17 bivalentes + 2 cuadrivalentes en coorientación alternada (uno con 4 quiasmas y otro con 3), observada en el híbrido '114' x 'Chinese Spring'. Las flechas señalan las asociaciones multivalentes.

- la línea '113' diverge de 'Chinese Spring' en dos translocaciones que afectan a cuatro pares de cromosomas, como parece deducirse de la observación de CMP con dos cuadrivalentes en el híbrido interlinear,

- la línea '114' se diferencia de 'Chinese Spring' en tres translocaciones que afectan a cuatro pares de cromosomas, lo que puede deducirse de la observación de CMP con un octavalente,
- la línea '119' muestra una translocación diferencial respecto a 'Chinese Spring', ya que en el híbrido correspondiente la configuración meiótica crítica observada fue de un cuadrivalente,
- las líneas '113', '114' y '119', divergen entre sí, dada la aparición de multivalentes en los híbridos '113' × '114' y '114' × '119',

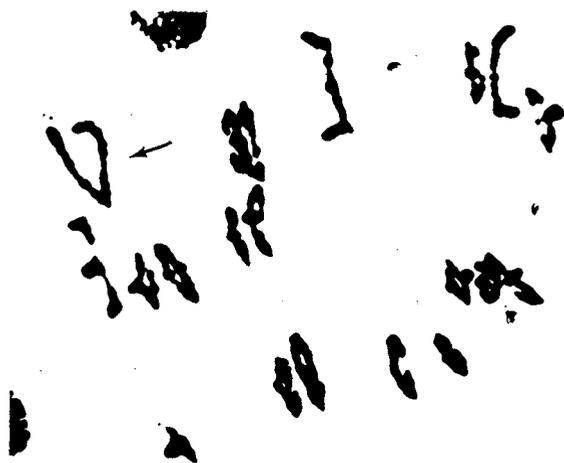


Fig. 2.—Configuración meiótica crítica de 19 bivalentes + 1 trivalente observada en el monosómico 3D de 'Chinese Spring' × '114'. La flecha señala la asociación de tres cromosomas.

- las líneas '6801', '6805' y '6829' divergen estructuralmente del catio tipo de 'Chinese Spring', en al menos una translocación importante (un cuadrivalente muy frecuente) y otra de menor extensión (un segundo cuadrivalente en baja frecuencia),
- no parecen existir diferencias estructurales intercariotípicas entre las líneas '6801', '6805' y '6829', dado que no se observaron multivalentes en los híbridos '6801' × '6805' y '6801' × '6829',
- la línea 'Marfed ERT-1', parental trigo de las líneas '6801', '6805' y '6829', parece diferenciarse de 'Chinese Spring' en la misma medida que sus formas derivadas.

Los resultados obtenidos en el material analizado en este traba-



jo están de acuerdo con la observación general de la importancia de los intercambios cromosómicos como factor citogenético determinante de la evolución cariotípica en *Triticum aestivum* L. (Baker and McIntosh, 1966; Riley et al., 1967; Diannelidis et al., 1969; Coucoli and Skorda, 1970; Petrovic, 1972; Larsen, 1974; Lindelaursen and Larsen, 1974; Sutka, 1978; Narkhede, 1979; Vega and Lacadena, 1982).

Los intercambios cromosómicos diferenciales detectados en las líneas '113', '114' y '119' pueden haberse originado en el híbrido entre el cultivar 'H-53' y *S. cereale* L. del que derivan, que al poseer una constitución genómica A B D R, presentaría una elevada inestabilidad cromosómica, y consecuentemente podría conducir a la producción de roturas y reuniones cromosómicas con extremos intercambiados. El mismo fenómeno podría haberse mantenido durante las primeras generaciones de desarrollo independiente de cada línea, en las que probablemente se produciría un efecto superpuesto de inestabilidad citológica y selección preferencial para combinaciones génicas y cromosómicas equilibradas.

### **Análisis citogenético en la línea '114'**

En la tabla 2 se registran los resultados relativos a la frecuencia de las configuraciones meióticas observadas en primera metafase de las CMPs de los híbridos de monosómicos de 'Chinese Spring' × '114'.

En los monosómicos para los términos 3D y 4D aparecieron CMPs con una configuración crítica de 19 bivalentes + 1 trivalente (sin univalente), con frecuencias respectivas de 0,74 y 0,02. Puede suponerse que ambos cromosomas están implicados en las translocaciones detectadas, si bien deben estarlo en translocaciones diferentes, siendo de mayor extensión la que afecta al cromosoma 3D.

Los monosómicos 3D, 4D y 1A presentaron CMPs con una frecuencia baja portadoras de una configuración cromosómica de 17 bivalentes + 1 cuadrivalente + 1 trivalente, observándose además que la frecuencia de esta configuración en el monosómico 3D es similar a la de CMPs con 19 bivalente + 1 trivalente en los monosómicos 4D y 1A. La frecuencia común y relativamente baja con que aparece el segundo trivalente (sin presencia de univalentes) en el monosómico 3D, y el trivalente (sin univalente) en los monosómicos

TABLA 2

Frecuencia de configuraciones cromosómicas observadas en la meiosis de monosómicos de '114' × monosómicos de 'CS'.

'114' × mono 'CS'	Número de CMs	20 <sup>II</sup> + 1 <sup>I</sup>	19 <sup>II</sup> + 2 <sup>I</sup>	18 <sup>II</sup> + 3 <sup>I</sup>	17 <sup>II</sup> + 4 <sup>I</sup>	19 <sup>II</sup> + 1 <sup>III</sup>	III + 1	IV + 1	2 III + 1	IV + III (sin I)	IV + III + 1	2 IV
1A .....	100	0,08	0,05	0,01	0,01	0,01	0,03	0,80		0,01		
4A .....	51	0,06	0,24	0,04				0,64			0,02	
5A .....	63	0,11	0,08				0,02	0,77			0,02	
6A .....	100	0,19	0,05				0,05	0,68				0,03
7A .....	100	0,18	0,10				0,03	0,67			0,02	
1B .....	100	0,11	0,04	0,01			0,05	0,76			0,01	0,02
2B .....	100	0,14	0,04	0,01	0,01		0,05	0,74				0,01
4B .....	100	0,20	0,16				0,04	0,60				
5B .....	100	0,26	0,10	0,01			0,01	0,58			0,01	0,03
6B .....	60	0,15	0,09				0,02	0,72				0,02
7B .....	108	0,09	0,15				0,01	0,74			0,01	
3D .....	100	0,13	0,04			0,74	0,07			0,02		
4D .....	58	3,24	0,02	0,03		0,02	0,17	0,38	0,02	0,07	0,05	
5D .....	100	0,22	0,06	0,03			0,03	0,59			0,01	0,06
6D .....	100	0,23	0,14	0,02				0,61				

4D y 1A, puede explicarse si estos dos cromosomas están implicados en dicha asociación multivalente, y en consecuencia en la misma translocación recíproca.

### **Análisis citogenético en las líneas '6801', '6805' y '6829'**

En la tabla 3 se presentan los resultados del análisis del apareamiento meiótico en los híbridos monosómicos de 'Chinese Spring' por las líneas '6801', '6805' y '6829'.

En los monosómicos para los términos 1D y 4D aparecieron, con una frecuencia elevada CMPs, con una configuración de 19 bivalentes + 1 trivalente. Los restantes monosómicos mostraron células con 1 cuadrivalente + 1 univalente.

Los resultados indicados permiten suponer que la translocación importante que presentan las líneas '6801', '6805' y '6829' respecto a 'Chinese Spring' afecta a los cromosomas 1D y 4D, siendo común a las tres líneas.

La línea 'Marfed ERT-1', parental donante del genomio D que poseen las formas '6801', '6805' y '6829', debe ser portadora de la citada translocación 1D-4D, lo que, por otra parte, parece confirmarse al observar una asociación cuadrivalente en la meiosis del híbrido entre 'Chinese Spring' y 'Marfed ERT-1' (véase la tabla 1).

La observación de CMPs con una asociación de cinco cromosomas, o con 1 cuadrivalente + 1 trivalente, o incluso con 1 hexavalente, aunque con una frecuencia muy baja en los híbridos de las líneas '6801', '6805' y '6829' por 'Chinese Spring', permiten suponer la existencia de una segunda translocación de menor extensión que implicaría a uno de los cromosomas identificados para la primera, 1D ó 4D, y otro no identificado.

Las líneas '6801', '6805' y '6829' representan formas de *Triticum aestivum* L., derivadas de Triticale hexaploide, que contienen un genomio D completo, procedente de la línea 'Marfed ERT-1', y que ponen de manifiesto el potencial de la utilización de dicho alopoloide artificial, como forma «puente» para la mejora del trigo común.



**Bibliografía**

- BAIER, A. C., ZELLER, F. J. y FISCHBECK, G. (1974). *Can. J. Genet. Cytol.*, **16**, 349-354.
- BAKER, E. P. y MCINTOSH, R. A. (1966). *Can. J. Genet. Cytol.*, **8**, 592-599.
- BLUTHNER, W. D. y METTIN, D. (1974). *EWAC Newsletter*, **4**, 35-37.
- COUCOLI, H. y SKORDA, E. A. (1970). *Caryologia*, **23**, 135-142.
- DIANNELIDIS, TH., COUCOLI, H. y SKORDA, E. (1969). *Osterr. Bot. Z.*, **116**, 119-126.
- GILL, B. S. y KIMBER, G. (1977). *Crop. Sci.*, **17**, 264-266.
- LARSEN, J. (1973). *Proc. 4th. Int. Wheat Genet. Symp.*, 87-93.
- LARSEN, J. (1974). *EWAC Newsletter*, **4**, 81.
- LAW, C. N. y WORLAND, A. J. (1973). *Plant Breed. Inst. Ann. Rep.* 1972, 26-65.
- LINDE-LAURSEN, I. y LARSEN, J. (1974). *Hereditas*, **78**, 245-250.
- METTIN, D., BLUTHNER, W. D. y SCHLEGEL, G. (1973). *Proc. 4th. Int. Wheat Genet. Symp.*, 179-184.
- MORRIS, R. y SEARS, E. R. (1967). Wheat and wheat improvement Soc. Agron. Madison, U. S. A., 19-87).
- NARKHEDE, M. N. (1979). *Curr. Sci.*, **48**, 211.
- PETROVIC, S. (1972). *Genetika*, **4**, 161-169.
- RILEY, R., COUCOLI, H. y CHAPMAN, V. (1967). *Heredity*, **22**, 233-248.
- SEARS, E. R. (1958). *Proc. 1st. Int. Wheat Genet. Symp.*, 222-228.
- SUTKA, J. (1978). *Acta Agron. Acad. Sci. Hung.*, **27**, 265-269.
- UNRAU, J., PERSON, C. y KUSPIRA, J. (1956). *Can. J. Bot.*, **34**, 629-640.
- VEGA, C. y LACADENA, J. R. (1982). *Theor. Appl. Genet.* (en prensa).
- ZELLER, F. J. (1972). *Z. Pflanzenzüchtg.*, **67**, 90-94.
- ZELLER, F. J. (1973). *Proc. 4th Int. Wheat Genet. Symp.*, 209-222.
- ZELLER, F. J. y BAIER, A. C. (1973). *Z. Pflanzenzüchtg.*, **70**, 1-10.
- ZELLER, F. J. y FISCHBECK, E. (1971). *Z. Pflanzenzüchtg.*, **66**, 260-265.

Departamento de Genética  
 Facultad de Ciencias (Sección Biológicas)  
 Universidad de Alcalá de Henares  
 Apartado 20. Alcalá de Henares  
 Madrid