

## Cantidades de DNA nuclear en árboles y arbustos

M. HORJALES, N. REDONDO, A. BLANCO & M. A. RODRÍGUEZ

*Departamento de Biología Vexetal e Ciencia do Solo  
Universidad de Vigo. 36200 Vigo (Pontevedra)*

*(Recibido, marzo de 2004. Aceptado, septiembre de 2004)*

### Resumen

HORJALES, M., REDONDO, N., BLANCO, A. & RODRÍGUEZ, M.A. (2004). Cantidades de DNA nuclear en árboles y arbustos. *Nova Acta Científica Compostelana (Biología)*, 13: 23-33

Se ha estudiado, mediante citometría de flujo, la cantidad de DNAn, en 50 taxones, 8 especies de gimnospermas y 42 de angiospermas (de las que 2 especies son de porte herbáceo) y de los que creemos que al menos 31 son inéditos. En su mayor parte corresponden a la flora autóctona de la Península Ibérica y en otros casos corresponden a la flora ornamental, de los jardines de la ciudad de Vigo, o del *Campus* de la Universidad de Vigo. En Pinophyta este valor oscila entre  $2C= 18,4$  pg para *Ginkgo biloba* L. y  $2C= 45,16$  pg para *Pinus pinaster* Sol. En Magnoliophyta, los datos estudiados están entre  $2C= 0,79$  pg para *Morus alba* L. y  $2C=9,06$  pg en *Magnolia grandiflora* L.

**Palabras clave:** Cantidades de DNAn, espermatófitos, citometría de flujo, Pinophyta, Magnoliophyta.

### Abstract

HORJALES, M., REDONDO, N., BLANCO, A. & RODRÍGUEZ, M.A. (2004). Nuclear DNA amounts of trees and shrubs. *Nova Acta Científica Compostelana (Biología)*, 13: 23-33

Nuclear DNA amounts of 50 taxa, 8 taxa of the gymnosperms and 42 of the angiosperms (and 2 herbaceous plants), with provenance from natural populations, fundamentally of the Iberian north-west, and the garden flora of Vigo city and Campus University were analysed using flow cytometry. The genome size of thirty one was estimated for the first time. They have found large variation, from Pinophyta  $2C=18,4$  pg in *Ginkgo biloba* L. until  $2C= 45,16$  pg in *Pinus pinaster* Sol., from Magnoliophyta  $2C= 0,79$  pg in *Morus alba* L. until  $2C= 9,06$  pg in *Magnolia grandiflora* L.

**Key words:** Nuclear DNA amounts, spermatophytes, flow cytometry, Pinophyta, Magnoliophyta.

### INTRODUCCIÓN

Varios autores (GREILHUBER, 1998; BENNETT *et al.*, 2000) han indicado que, por los datos que se tienen en la actualidad, el tamaño del genoma de un organismo es un carácter cuantitativo constante entre los individuos de una población,

en los que hay un intercambio reproductor. Como tal, puede tener un significado taxonómico, igual que cualquier otro carácter, y el rango taxonómico que podría asignársele a los citotipos caracterizados por su tamaño genómico es, naturalmente, discutible. Puede presentar una ligera variación geográfica que no merece reconocimiento

taxonómico o bien una fuerte desviación sin diferencias morfológicas, o bien una variación menor con una buena diferenciación morfológica. Es un parámetro que se utiliza usualmente para estimar la diferenciación taxonómica críptica en especies o agregados y en cualquier caso la medida del tamaño del genoma constituye una nueva herramienta para la investigación de la biodiversidad y que además pudiera tener interés en el campo de la conservación.

OHRI (1998), apunta que la variación importante en el tamaño del genoma entre las especies pudiera estar estrechamente relacionada con problemas de adaptabilidad a distintos niveles, nuclear, celular, tisular o de organismos. El incremento o la disminución en el tamaño del genoma pueden estar correlacionados con el progreso evolutivo del grupo. No hay correspondencia entre el nivel de diferenciación genética de las especies y sus contenidos de DNAn, es decir, la variación cuantitativa del genoma no es un requisito previo para la divergencia de las especies e indica que el tamaño del genoma puede usarse de modo apropiado para corroborar evidencias en sistemática.

En este mismo sentido, BENNETT *et al.*, 2000, consideran que la cantidad de DNAn es un carácter clave en biología y en el estudio de la biodiversidad. El tamaño del genoma tiene implicaciones prácticas a diferentes niveles, y por los datos hasta ahora conocidos parece que las angiospermas ancestrales tienen genomas muy pequeños, menores de  $C=1,4$  pg, mientras que los valores mayores de  $C$  representarían una condición derivada. Este hecho debió tener lugar al menos dos veces en la evolución angiospérmica, tanto en las más altas eudicotiledóneas como en monocotiledóneas. Se han encontrado correlaciones negativas entre la cantidad de DNAn y la posibilidad de que sean herbáceas. El contenido de DNA está correlacionado con los ciclos de vida de las plantas, la distribución geográfica de las plantas cultivadas, la fenología de las plantas, la biomasa y la sensibilidad al desarrollo en condiciones ambientales tales como la temperatura y la escarcha. La cantidad de DNA parece tener su interés en el campo de la

conservación de la biodiversidad. Las gimnospermas, que producen pocas semillas, que tienen un desarrollo lento, son probablemente las que tengan mayor riesgo de extinción, y están asociadas a valores muy altos de  $C$ . Los grandes valores de  $C$  pudieran identificar productos finales de superespecialización correspondientes a líneas evolutivas con pocas posibilidades de retorno a partir de genomas muy altos, y que a su vez pudieran ser indicativos de que se incrementara su probabilidad de extinción. (BENNETT *et al.*, 2000).

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se estudió la cantidad de DNAn mediante citometría de flujo, en muestras de táxones leñosos procedentes de poblaciones naturales del NW de la Península Ibérica o de jardines, especies ornamentales y alóctonas a la flora de la Península, recolectados en 1996, 1997, 1999, 2000 y 2001. El material de partida son hojas, bien desarrolladas, y con ausencia de epífitos. Los pliegos correspondientes se encuentran depositados en el herbario de la Universidad de Vigo.

Se ha empleado un citómetro de flujo Coulter, Epics\* Elite, que emite a 488 nm. Se ha seguido el método descrito por GALBRAITH (1989) para la obtención de los núcleos, usando como tampón los medios, Bergounioux o Alsever, con el objeto de obtener núcleos en las condiciones adecuadas. Como patrones internos, se han utilizado hojas jóvenes de *Petunia hybrida* L. cultivar PxPC6 (2,85 pg, 41% GC) y *Pisum sativum* L. cultivar Express Long (8,37 pg de DNA, 40,5% de GC). El fluorocromo empleado ha sido bromuro de etidio (BrET Sigma E8751) previa adición de RNAsa (Boehringer product 109169) ya que el bromuro de etidio es un colorante intercalante, que teñiría también el RNA.

Se han realizado 3 medidas de cada uno de los individuos, en al menos 5 individuos de cada población natural. En el caso de las plantas recolectadas en jardines se refieren en su mayor parte a un sólo individuo. En cada análisis efectuado se han medido 5000 núcleos y el coeficien-

te de variación en cada análisis ha sido inferior a 5, en la mayor parte de los casos, si bien teniendo en cuenta las dificultades para obtener mejores resultados en algunos de los táxones, se incluyen algunas medidas con coeficientes de variación superior a 5, como se puede ver en la Tabla I.

## RESULTADOS

En la Tabla I figuran las medias de los valores obtenidos para el contenido de DNA nuclear para cada uno de los táxones y localidades estudiadas.

## DISCUSIÓN

Se ha determinado la cantidad de DNAn en tres especies del género *Juniperus*: *J. sabina* L., *J. communis* L. subsp. *alpina* (Suter) Celak y *J. thurifera* L., que creemos son inéditos.

En cuanto a los datos correspondientes a *Taxus baccata* L., *Ginkgo biloba* L., *Picea abies* (L.) Karsten, *Abies pinsapo* Boiss., procedentes de la flora ornamental, se observan pequeñas diferencias con los datos bibliográficos (in BENNETT & LEITCH, 2004).

En *Pinus pinaster* Sol. se ha obtenido un valor de  $2C=45,16$  pg. Ohri, 1986, in MURRAY et al., 2004, cita para *Pinus maritima*  $2C=48$  pg y para *Pinus pinaster*  $2C=48,7$  pg. HALL et al., 2000, en un trabajo sobre 11 especies tropicales de *Pinus*, indican que las cantidades de DNA oscilan entre  $2C=19,25$  y  $31,76$  pg. y apuntan que esas cantidades son siempre menores que las de las especies de pinos templados.

La cantidad de DNAn en los taxones de gimnospermas que presentamos, tanto en los procedentes de la flora ornamental como de la flora autóctona, oscila entre  $18,4$  pg y  $40,04$  pg, hecho que coincide con los datos aportados por la bibliografía para este grupo (MURRAY et al., 2004). Los datos de MURRAY et al. (2004) presentan un intervalo entre  $4,5$  pg y  $63,5$  pg, con una moda de  $31,6$  pg. Todavía no hay una explicación acerca del por qué las cantidades de DNAn

de gimnospermas son bastante mayores que las que se han encontrado para angiospermas. LEITCH et al. (1998) han establecido hipótesis para tratar de explicar este dato acudiendo a las características morfológicas y de ciclos de vida que presentan cada uno de los grupos. Así, un tamaño de genoma pequeño parece estar relacionado con una serie de caracteres que pudieran justificar el éxito de angiospermas frente a gimnospermas, tales como un menor tiempo invertido en el ciclo biológico: formación de la semilla y germinación de la misma, y con una tasa de reproducción más efectiva.

En Fagaceae, los datos corresponden a 8 taxones, con un intervalo de  $2C=1,45-1,95$  pg. Nuestros datos para *Q. robur* L. oscilan entre  $2C=1,66$  y  $1,75$  pg para representantes próximos entre sí geográficamente, y la menor cantidad corresponde a  $2C=1,55$  pg para una localidad (O: Villablino), correspondiente a un bosque mixto caducifolio bien conservado, alejada unos 300-400 km. La media corresponde a  $2C=1,67$  pg. ZOLDOS et al., 1998, apuntan para *Q. robur* de varias localidades de Francia y Croacia,  $2C=1,88$  pg.

El dato que aportamos para *Q. petraea* (Mattuschka) Liebl. subsp. *petraea* es de  $2C=1,67$  pg. ZOLDOS et al. (loc. cit.) presentan los datos para este taxón de 2 localidades, de Francia y Croacia, con unos valores de  $2C=1,91$  y  $2C=1,81$  pg respectivamente, justificados estudiando las mitosis, en 10 plántulas, correspondientes a 2 individuos, en las que aparecen 1, 2, o 3 cromosomas supernumerarios, destacando la importancia y fiabilidad de la citometría de flujo para detectar la variabilidad cromosómica, ya que el número más alto corresponde a la población con cromosomas supernumerarios. Mediante microdensitometría Feulgen ese valor  $2C$  oscila entre 1 y  $1,58$  pg. (in ZOLDOS et al., 1998).

El dato que presentamos para *Q. ilex* L. subsp. *ballota* (Desf.) Samp. es de  $2C=1,95$  pg de una localidad del N de Portugal. La cantidad de DNAn para *Q. ilex* de una localidad de Provenza (ZOLDOS et al., loc. cit.), es  $2C=2$  pg. Si bien no se indica en el texto, es probable que por su localización corresponda a la especie tipo,

TABLA I. Contenido de DNA nuclear 2C de los distintos taxones, localidades de procedencia del material, coeficiente de variación, cultivado/silvestre y referencias bibliográficas

Especie	cul/sil	Familia	Localidades	2C	cv	Ref. bibl.
<i>Juniperus sabina</i> L.	s	Cupressaceae	León: Mirantes de Luna	21	5	0
<i>Juniperus communis</i> L.	s	Cupressaceae	Oviedo: Somiedo	20,05	6	0
subsp. <i>alpina</i> (Suter) Celak						
<i>Juniperus thurifera</i> L.	s	Cupressaceae	León: Mirantes de Luna	40,04	4,8	0
<i>Taxus baccata</i> L.	c	Taxaceae	León: Mirantes de Luna	20,6	5	Murray <i>et al.</i> , 2004 (2C=22,1)
«	c		Pontevedra: Vigo	21,1	1,55	
«	c		«	21,27	1,55	
<i>Ginkgo biloba</i> L.	c	Ginkgoaceae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	18,4	5,4	Marie & Brown, 1993 (2C=19,5; 21,2)
<i>Picea abies</i> (L.) Karsten	c	Pinaceae	Pontevedra: Vigo - Campus	24,22	6,5	Murray <i>et al.</i> , 2004 (2C=19,9)
<i>Pinus pinaster</i> Sol.	c	Pinaceae	Pontevedra: Vigo - Campus	45,16	3,4	Siljak-Yakovlev <i>et al.</i> , 2002 (2C=37,2)
<i>Abies pinsapo</i> Boiss.	c	Pinaceae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	24,98	6,7	Murray <i>et al.</i> , 2004 (2C=48,1; 48,7)
<i>Acer pseudoplatanus</i> L.	s	Aceraceae	León: Villablino	1,23	4	Bennet <i>et al.</i> , 2004 (2C=2,35)
«	s		«	1,63	4	
<i>Betula alba</i> L.	s	Betulaceae	León: Villablino	1,8	4	0
<i>Castanea sativa</i> Miller	c	Fagaceae	Pontevedra: Vigo - Beade	1,54	4,2	0
<i>Cistus ladaniferus</i> L.	s	Cistaceae	Portugal: Bragança - Espinhosela	1,75	3	0
<i>Citrus aurantium</i> L.	c	Rutaceae	Pontevedra: Vigo	0,89	2,4	Bennett <i>et al.</i> , 2004 (2C=0,75)
<i>Citrus limon</i> (L.) Burmann	c	Rutaceae	Pontevedra: Vigo	0,89	6	Bennett <i>et al.</i> , 2004 (2C=0,8)
<i>Corylus avellana</i> L.	s	Betulaceae	León: Villablino	0,94	6	Bennett <i>et al.</i> , 2004 (2C=0,95)
«	s		«	0,9	3,5	
«	c		Pontevedra: Vigo	0,8	4,45	

TABLA I. Contenido de DNA nuclear 2C de los distintos taxones, localidades de procedencia del material, coeficiente de variación, cultivado/silvestre y referencias bibliográficas (continuación)

Especie	cul/sil	Familia	Localidades	2C	cv	Ref. bibl.
<i>Cytisus commutatus</i> (Willk.) Briq.	s	Leguminosae	Coruña: Cedeira. Sierra Capelada	3,88	3,6	0
<i>Cytisus scoparius</i> (L.) Link subsp. <i>scoparius</i>	s	Leguminosae	Pontevedra: Vigo - Beade	1,97	3	Bennett et al., 2004 (2C=1,7)
<i>Cytisus striatus</i> (Hill) Rothm.	s	Leguminosae	Pontevedra: Oia - Mougás	1,93	3,4	0
<i>Fagus sylvatica</i> L.	s	Fagaceae	León: Posada de Valdeón	1,45	4	0
<i>Frangula alnus</i> Miller	s	Rhamnaceae	León: Villablino	1,08	4,6	0
<i>Fraxinus angustifolia</i> Vahl	s	Oleaceae	León: Villablino	1,78	3	0
«	s	«	«	1,7	3,4	0
«	s	«	Pontevedra: Vigo	1,69	4	0
<i>Ilex aquifolium</i> L.	c	Aquifoliaceae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	6,24	5,2	Bennett et al., 2004 (2C=2,30)
<i>Juglans regia</i> L.	c	Juglandaceae	Pontevedra: Vigo	1,24	5,2	0
<i>Laurus nobilis</i> L.	s	Lauraceae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	6,75	2,79	0
<i>Lonicera periclymenum</i> L. subsp. <i>hispanica</i> (Boiss. & Reuter) Nyman	s	Caprifoliaceae	Pontevedra: Vigo	5,62	4,2	0
<i>Magnolia grandiflora</i> L.	c	Magnoliaceae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	9,06	5	0
<i>Mespilus germanica</i> L.	c	Rosaceae	Pontevedra: Vigo	1,54	3,4	Bennett et al., 2004 (2C=1,5)
<i>Morus alba</i> L.	c	Moraceae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	0,79	4	Bennett et al., 2004 (2C=1,7)
<i>Parthenocissus quinquefolia</i> (L.) Planchon	c	Vitaceae	Orense: Campus	6,36	2,37	0
<i>Pistacia terebinthus</i> L.	s	Anacardiaceae	León: Requejo	1,35	6,1	0
<i>Pittosporum tobira</i> Aiton	c	Pittosporaceae	Pontevedra: Vigo	1,21	4,7	0
<i>Platanus hispanica</i> Miller ex Münchh.	c	Platanaceae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	3,84	3,9	0
<i>Polygala angustifolia</i> Lange	s	Polygalaceae	León: Ptº del Manzanal	0,85	3	0
<i>Polygala mycrophylla</i> L.	s	Polygalaceae	León: Ptº del Manzanal	1,05	4,2	0

TABLA I. Contenido de DNA nuclear 2C de los distintos taxones, localidades de procedencia del material, coeficiente de variación, cultivado/silvestre y referencias bibliográficas (continuación)

Especie	cul/sil	Familia	Localidades	2C	cv	Ref. bibl.
<i>Polygala vulgaris</i> L	s	Polygalaceae	León: Ptº del Manzanal	0,89	4,5	0
<i>Populus alba</i> L.	c	Salicaceae	Pontevedra: Vigo - Campus	1,04	3,4	0
<i>Populus nigra</i> L.	c	Salicaceae	Pontevedra: Vigo - Campus	1,08	3,6	0
<i>Prunus padus</i> L.	s	Rosaceae	León: Villablino	2,35	4	0
<i>Quercus ilex</i> L. subsp. ballota (Desf.) Samp.	s	Fagaceae	Portugal: Bragança - Espinhosela	1,95	4,5	Zoldos <i>et al.</i> , 1998 (2C=2)
<i>Quercus petraea</i> (Mattuschka) Liebl.	s	Fagaceae	León: Villablino	1,67	3,8	Zoldos <i>et al.</i> , 1998 (2C=1,91;1,81)
<i>Quercus pyrenaica</i> Willd.	s	Fagaceae	León: Villablino	1,67	4,2	0
<i>Quercus robur</i> L.	s	Fagaceae	Pontevedra: Vigo - Beade	1,75	4,4	Zoldos <i>et al.</i> , 1998 (2C=1,88)
«	s	«	«	1,72	4,18	
«	c	«	Pontevedra: Vigo - Castrelos	1,66	4,9	
«	s	«	León: Villablino	1,55	4,5	
<i>Quercus rubra</i> L	c	Fagaceae	Pontevedra: Vigo - Beade	1,70	5,6	Zoldos <i>et al.</i> , 1998 (2C=1,61)
<i>Quercus suber</i> L.	s	Fagaceae	Pontevedra: Tui - Monte Aloia	1,68	5,6	Zoldos <i>et al.</i> , 1998 (2C=1,91)
<i>Rhamnus alpinus</i> L. subsp. <i>alpinus</i>	s	Rhamnaceae	Oviedo: Somiedo	1,39	6	0
<i>Robinia pseudoacacia</i> L	c	Leguminosae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	1,47	3,7	Bennet <i>et al.</i> , 2004 (2C=1,30)
<i>Salix atrocinerea</i> Brot.	s	Salicaceae	Pontevedra: Vigo - Beade	1,60	4,2	0
<i>Salix babylonica</i> L.	c	Salicaceae	Pontevedra: Vigo - Castrelos	1,53	4,5	0
<i>Sorbus aucuparia</i> L.	s	Rosaceae	León: Villablino	1,3	4	0

*Q. ilex* subsp. *ilex*. En cualquier caso nuestro dato es el más alto que hemos encontrado para los *Quercus* estudiados en el presente trabajo y se aproxima al de la referencia bibliográfica. LEITCH *et al.*, 1998, incluyen dos especies de Fagaceae con un intervalo  $2C=1-1,6$  pg, con un valor medio de  $2C=1,3$  pg.

Los datos que figuran en la bibliografía (LEITCH *et al.*, *loc. cit.*) para dos táxones, de Salicaceae señalan un valor de  $2C$  comprendido entre 0,7 y 0,85 pg, rango en el que se incluyen nuestros datos.

En Rosaceae, nuestros datos para cuatro táxones están en un intervalo entre  $2C=1,21$  y 2,35 pg. En *Mespilus germanica* L. nuestro dato  $2C=1,54$  pg es comparable con el de DICKSON *et al.*, 1992, de  $2C=1,50$  pg. En el caso del género *Sorbus*, *S. americana* Marsh. con  $2C=1,3$  pg y en *S. alnifolia* (Siebold & Zuccarini) K:Koch  $2C=1,36$  pg aportados por DICKSON *et al.*, *loc. cit.*, por lo que creemos que el dato de  $2C=1,3$  pg para *Sorbus aucuparia* L. es inédito. En el género *Prunus*, ARUMUGANATHAN & EARLE (1991), citan para *P. avium* L.  $2C=0,70$  pg; *P. cerasus* L.  $2C=1,26$  pg y *P. domestica* L.  $2C=1,86$  pg, por lo que creemos que nuestro dato para *P. padus* L.  $2C=2,35$  pg es inédito. LEITCH *et al.*, 1998, incluyen referencias de cantidades de DNAn para 49 táxones que varían entre 0,25 y 4,5 pg.

Los datos correspondientes a *Cytisus commutatus* (Willk.) Briq.,  $2C=3,88$  pg y *Cytisus striatus* (Hill) Rothm.,  $2C=1,93$  pg, son inéditos (Fig.1). BENNETT & LEITCH (2004), indican para *Cytisus scoparius* (L.) Link  $2C=1,7$  pg. Se han analizado conjuntamente *C. scoparius* y *C. striatus* y se puede observar un pico amplio. Igualmente se han estudiado conjuntamente *C. commutatus* y *C. striatus* así como *C. commutatus* y *C. scoparius*. En ambos casos se observan 2 picos claramente separados. Estos datos parecen confirmar los datos de cromosomas  $2n=46, 48$  para *C. striatus* y *C. scoparius* (HORJALES, 1975) y  $2n=c. 92$  para *C. commutatus* (HORJALES, 1978), para localidades del NW ibérico (Fig. 2).

De Polygalaceae, se ha estudiado *Polygala mycrophylla* L., endemismo de la Península Ibé-

rica, y el resultado es  $2C=1,05$  pg. Se han estudiado otras especies con porte herbáceo, de León: Ptº del Manzanal, *P. angustifolia* Lange con  $2C=0,85$  pg y *P. vulgaris* L. con  $2C=0,89$  pg. Creemos que se trata de datos inéditos, en los tres táxones, y tanto la especie arbustiva como las herbáceas se encuentran dentro del mismo rango.

De *Fraxinus angustifolia* Vahl se han estudiado individuos correspondientes a dos poblaciones naturales y la cantidad de DNAn es  $2C=1,78$  pg, que creemos es inédita. OHRI (1998) incluye los datos para *F. americana* L. y tres niveles de ploidía, diploide, tetraploide y hexaploide, para  $2C=4,58-6,28; 10,08-11,76$  y  $13,32-19,62$  pg respectivamente

LEITCH *et al.*, *loc. cit.*, plantean que si bien todavía es incierta la relación que se puede establecer entre el tamaño del genoma y la filogenia de cada uno de los grupos de plantas vasculares, sí se puede afirmar que la presencia de un genoma pequeño es un carácter único de las angiospermas ya que no sólo está presente en las plantas con semilla extintas, sino que también es común en los ancestros de las angiospermas y que se ha mantenido en la mayor parte de las actuales angiospermas. Podría apuntarse que un tamaño de genoma mayor podría estar relacionado con el nicho ecológico en el que viven las gimnospermas, climas más fríos o más cálidos, continentales, en sustratos más pobres, en los que todavía en la actualidad son más competitivas, ocupando grandes extensiones, mono-específicas, en muchos casos. A partir de los datos de angiospermas conocidos, el intervalo de las cantidades de DNAn es mucho más amplio desde  $2C=0,12$  pg hasta  $2C=254,8$  pg, que el de gimnospermas,  $2C=4,5$  pg hasta  $2C=63,5$  pg, lo que probablemente les ha capacitado para ocupar múltiples nichos ecológicos y para presentar una mayor diversidad en el tipo de portes, modelos de reproducción e intercambio genético, que les permitieron una mayor versatilidad y por ello una mayor diversidad específica.

SOLTIS *et al.* (2004), apuntan que los mecanismos de contracción del genoma están todavía pobremente conocidos. Han observado que

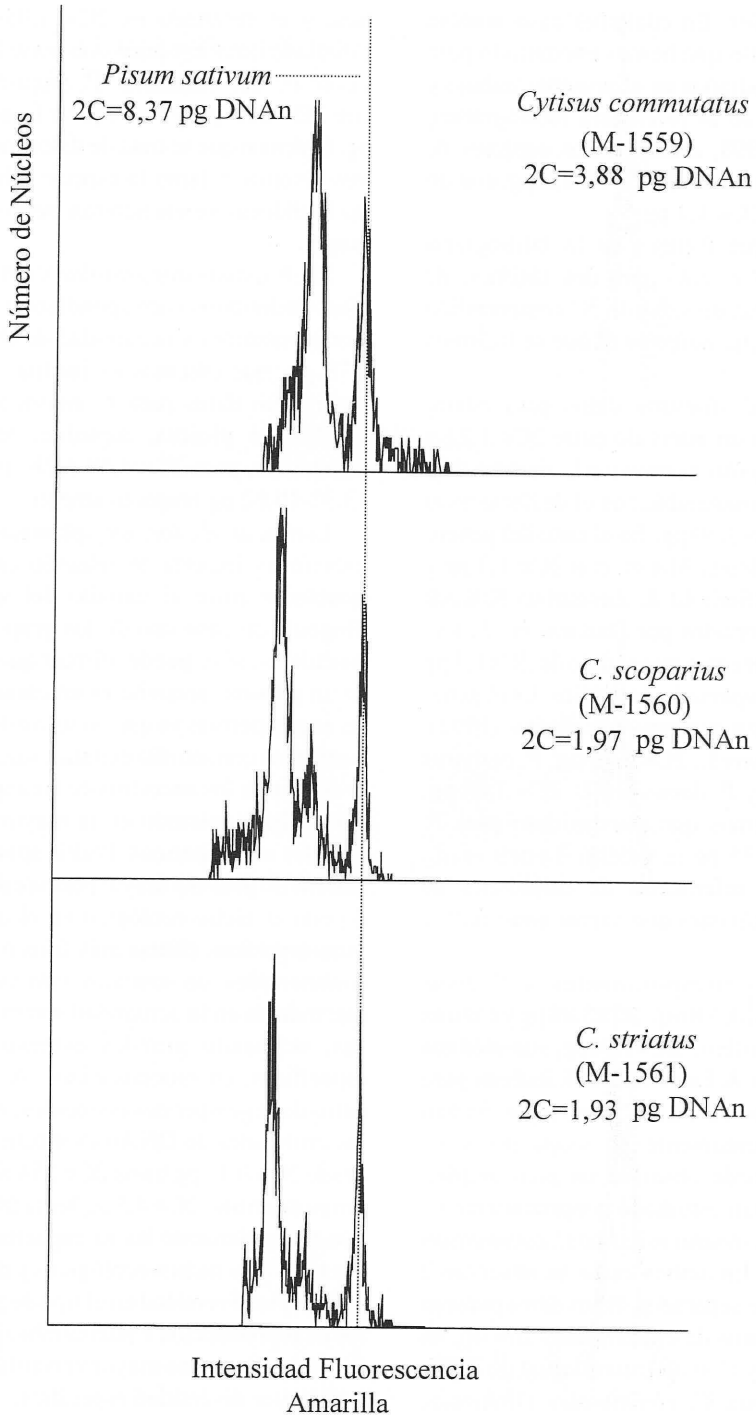


Fig.1. Histogramas comparativos (en escala logarítmica) de la intensidad de fluorescencia amarilla de tres especies de *Cytisus*, alineados con respecto al patrón interno (*Pisum sativum* L. «Express long»).

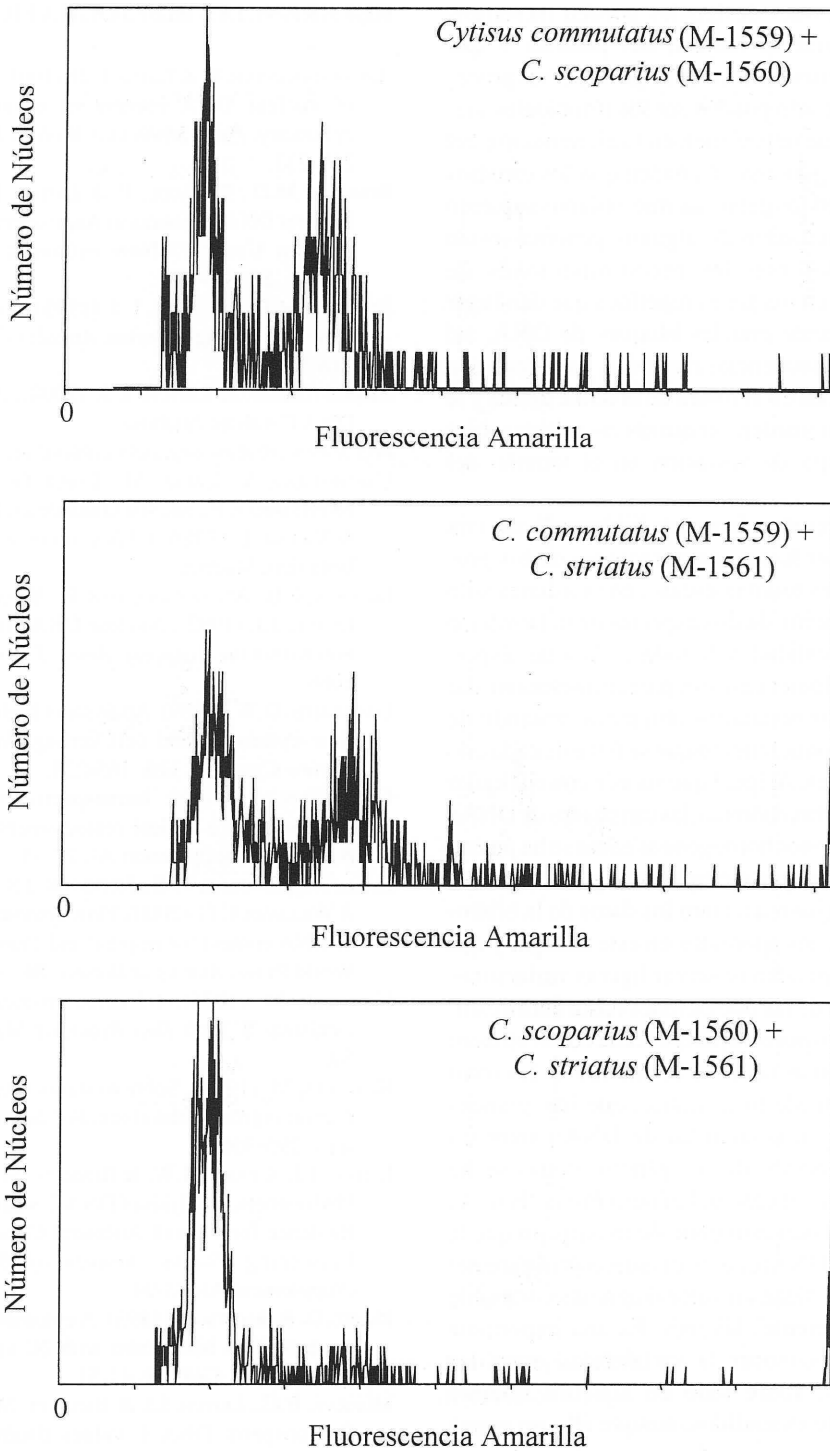


Fig. 2. Histogramas lineales de muestras en las que se han incluido dos especies, sin patrón interno.

recombinaciones desiguales pueden incrementar lentamente el tamaño del genoma y que aquellas recombinaciones ilógicas y otros procesos de delección pueden ser los principales mecanismos que intervienen en la disminución del tamaño del genoma. Y añaden que los estudios realizados en los genomas microbianos sugieren que la disminución de algunos genomas están relacionados con las recombinaciones de homólogos en los genes repetidos que dan lugar a la pérdida de grandes bloques de DNA, así como de las secuencias repetidas, y apuntan que las diferencias en la rotura de la doble hélice y la restauración pueden ser quizás las responsables de algún tipo de variación en el tamaño del genoma.

El número de referencias bibliográficas, con las que poder hacer comparaciones de los propios datos, es todavía escaso, en ocasiones sólo hay información de dos especies de la familia, o de pocas localidades de toda el área de dispersión, en cualquier caso nos parece interesante dar cuenta de los resultados obtenidos, tratando de ampliar el conocimiento que se tiene de cada uno de los táxones. Al igual que sucede con cualquier otro carácter taxonómico, las cantidades de DNA son más o menos homogéneas como se ha puesto de manifiesto, por ejemplo en algunas especies del género *Quercus*, tanto los datos de la bibliografía como los aportados en este trabajo, y que a su vez se pueden observar ligeras variaciones en cada una de las poblaciones hasta ahora estudiadas, como por otra parte sucede con el número de cromosomas (ZOLDOS *et al.*, 1998). En otros ejemplos sucede lo contrario, que hay grandes variaciones en la cantidad de DNA entre las distintas especies de un género, como se ha indicado para el caso del género *Pinus* (HALL *et al.*, 2000). Todo esto pone de manifiesto que la cantidad de DNA, como cualquier otro carácter taxonómico, tiene un valor diagnóstico variable para los diferentes táxones. Es una importante ayuda para conocer la variabilidad entre las poblaciones, sobre todo en aquellos táxones ampliamente extendidos, aunque ello no venga explicitado por un cambio nomenclatural.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARUMUGANATHAN, K. & EARLE, E.D. (1991). Estimation of nuclear DNA content of plants by flow cytometry. *Plant Molecular Biology Reporter*, **9**: 229-233.
- BENNETT, M.D., BHANDOL, P. & LEITCH, I. J. (2000). Nuclear DNA Amounts in Angiosperms and their Modern Uses-807 New estimates. *Annals of Botany*, **86**: 859-909.
- BENNETT, M.D. & LEITCH, I. J. (1995). Nuclear DNA Amounts in Angiosperms. *Annals of Botany*, **76**: 113-176.
- BENNETT, M.D. & LEITCH, I. J. (2004). Angiosperm DNA C-values database. <http://www.rbgekew.org.uk/cval/database1.html>.
- CASTROVIEJO, S., LAÍNZ, M., LÓPEZ GONZÁLEZ, G., MONTSERRAT, P., MUÑOZ GARMENDIA, F., PAIVA, J. & VILLAR, L. (1986-). *Flora iberica*. Real Jardín Botánico. Madrid.
- DICKSON, E.E., ARUMUGANATHAN, K., KRESOVICH, S. & DOYLE, J.J. (1992). Nuclear DNA content variation within the Rosaceae. *Amer. J. Bot.*, **79**: 1081-1086.
- GALBRAITH, D.W. (1989). Analysis of higher plants by flow cytometry and cell sorting. *International Review Cytology*, **116**: 165-228.
- GREILHUBER, J. (1998). Intraspecific variation in genome size: a critical reassessment. *Annals of Botany*, **82** (Supplement A): 27-35.
- HALL, S.E., DVORAK, W.S., JOHNSTON, J.S., PRICE, H.J. & WILLIAMS, C.G. (2000). Flow cytometric analysis of DNA content for tropical and Temperate New World Pines. *Annals of Botany*, **86**: 1081-1086.
- HORJALES, M. (1975). Números cromosómicos en Genisteas II. *Trab. Dep. Botánica*. Madrid, **7**: 43-50.
- HORJALES, M. (1978). Sobre el status taxonómico de *Cytisus ingramii* Blakelock. *Bol. Soc. Brot.*, **52** (2ª sér.): 295-306.
- LEITCH, I.J., CHASE, M.W. & BENNETT, M. D. (1998). Phylogenetic Analysis of DNA C-values Provides Evidence for a Small Ancestral Genome Size in Flowering Plants. *Annals of Botany*, **82** (Supplement A): 85-94.
- MARIE, D. & BROWN, S. (1993). A cytometric exercise in plant DNA histograms with 2C values for 70 species. *Biol. Cell*, **78**: 41-51.
- MURRAY, B.G., LEITCH, I.J. & BENNETT, M.D. (2004). Gymnosperm DNA C-values database. <http://www.rbgekew.org.uk/cval/database1.html>.

- OHRI, D. (1998). Genome Size Variation and Plant Systematics. *Annals of Botany*, **82** (Supplement A): 75-83.
- SILJAK-YAKOVLEV, S., CERBAH, M., COULAUD, J., STOIAN, V., BROWN, S.C., ZOLDOS, V., JELENIC, S. & PAPES, D. (2002). Nuclear DNA content, base composition, heterochromatin and rDNA in *Picea omorika* and *Picea abies*. *Theoretical and Applied genetics*, **104**: 505-512.
- SOLTIS, D., SOLTIS, P. & TATE, J. (2004). Advances in the study of polyploidy since Plant Speciation. *New Phytologist*, **161** (1): 173-191.
- ZOLDOS, V., PAPES, D., BROWN, S.C., PANAUD, O. & SILJAK-YAKOVLEV, S. (1998). Genome size and base composition of seven *Quercus* species :inter- and intra-population variation. *Genome*, **41**:162-168.