

Aplicación de dos métodos de clasificación  
nomenclatural del complemento cromosómico de dos  
especies de *Gossypium*

Application of two methods of nomenclature  
classification of chromosomal complement of two  
*Gossypium* species

HERNÁN E. FERRER-PEREIRA <sup>1</sup>,  
JESÚS R. MÉNDEZ-NATERA <sup>2</sup>  
& NILDA C. ALCORCÉS-DE-GUERRA <sup>2</sup>

VALDÉS (1997) menciona que los cromosomas de los vegetales proporcionan características de gran importancia taxonómica. La utilización de los datos cariológicos en la taxonomía se inicia en los años veinte con los trabajos de HEITZ (1925) que pusieron de manifiesto la variabilidad de dichos datos, fundamentalmente del número y su constancia dentro de cada especie, lo que hizo pensar durante varias décadas que podría utilizarse el número cromosómico como carácter primordial para diferenciar las especies vegetales.

MARVAL (1994) en su estudio comparativo del complemento cromosómico de *Cajanus cajan* (L.) Huth., *Phaseolus aureus* Roxb., *Vigna unguiculata* (L.) Walp., *Psophocarpus tetragonobulus* (Sickm.) DC y *Lens culinaris* Medic pertenecientes a la familia *Leguminosae*, empleó el método de KAWANO (1965) modificado por Siso y Siso, tratando las células del tejido meristemático radicular, teñidas con orceína acética, utilizó el sistema de clasificación y nomenclatura cromosómica propuesto por ABRAHAM & PRASSAD (1983), el cual se basa en los arm *ratios* e

---

<sup>1</sup> Gerencia de Investigación y Desarrollo. Fundación Instituto Botánico de Venezuela. Apartado Postal 2156, Caracas 1010-A. E-mail: [hferreper@gmail.com](mailto:hferreper@gmail.com). <sup>2</sup> Departamento de Agronomía, Escuela de Ingeniería Agronómica, Universidad de Oriente, Núcleo de Monagas. Maturín, estado Monagas, Venezuela. Código postal 6201. E-mails: [nildafel@gmail.com](mailto:nildafel@gmail.com), [jmendezn@cantv.net](mailto:jmendezn@cantv.net).

índices centroméricos de los brazos largos y cortos de los cromosomas. En *C. cajan*, el tamaño de los cromosomas oscila entre 2,00 y 4,10  $\mu\text{m}$  y propone la fórmula cariotípica:  $2M + 4nm + 5nsm(-)$ . La especie *P. aureus* posee una fórmula cariotípica de  $8nm + 15M + 2nsm(-)$  y el tamaño de los cromosomas varía de 2,25 a 5,5  $\mu\text{m}$ . Dentro de la especie *V. unguiculata*, el tamaño de los cromosomas oscila entre 2,50 y 670  $\mu\text{m}$  y presenta una fórmula cariotípica igual a  $1M + 5nm + 1nsm(+)$  +  $3nsm(-)$  +  $1nst(-)$ . Para *P. tetragonobulus* se reporta una fórmula cariotípica  $2M + 2nm + 1SM + 1nsm(+)$  +  $4nsm(-)$  +  $1ST$ , con cromosomas que varían entre 3,25 y 7,00  $\mu\text{m}$  de longitud. Los cromosomas de *L. culinaris* presentan longitudes totales de 10,00 y 13,00  $\mu\text{m}$ , y plantea una fórmula cariotípica igual a  $1M + 1nm + 3nsm(+)$  +  $2nst(-)$ . El número cromosómico reportado en estos análisis para las especies *C. cajan*, *P. aureus*, *V. unguiculata* y *P. tetragonobulus* es: 22 cromosomas somáticos ( $2n = 22$ ); y para *Lens culinaris* es: 14 cromosomas.

En esta investigación se aplicaron dos métodos nomenclaturales para caracterizar el complemento cromosómico de *Gossypium hirsutum* y *G. barbadense* con fines de mejoramiento genético y perspectivas taxonómicas.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### PREPARACIÓN DEL MATERIAL

Las semillas de cada uno de los cultivares y ecotipos de *Gossypium hirsutum* L. y de los ecotipos de *G. barbadense* L. se colocaron en tubos de ensayo identificados con agua destilada durante 6 horas, para acelerar el proceso de germinación por medio de imbibición, luego se colocaron en cápsulas de Petri con papel de filtro humedecido con agua destilada para su germinación en ambiente de laboratorio. Se escogieron las raíces con longitud entre 1 y 2 cm. para realizar los estudios de hora mitótica y cariotipo.

Una vez identificada la hora mitótica, se procedió a determinar el número cromosómico utilizando el método de KAWANO (1965). Se realizaron aplastados de los meristemas radiculares, la coloración se realizó con orceína F.L.P. al 2% y se seleccionaron las mejores células, en las cuales los cromosomas estuvieron bien dispersos en el citoplasma, midiendo en cada caso los cromosomas de cada una de las dos especies con un ocular micrométrico de 100X.

Se observaron 20 células por cada material genético para proceder a su conteo y medición, agrupándolas dentro de un diseño de bloques al azar con cinco repeticiones, donde cada repetición estuvo constituida por cuatro células. Para determinar las longitudes de los cromosomas, se midieron los brazos cromosómicos con un ocular micrométrico, colocando

el cero de la regleta en el centrómero y la medida obtenida se convirtió a micras según la calibración previa del microscopio. Luego se calculó la relación de los brazos cromosómicos (o arm ratio): brazo corto/brazo largo y brazo largo/brazo corto, las cuales constituyen uno de los elementos de mayor utilidad para la identificación de cada cromosoma y el índice centromérico por medio de la relación porcentual existente entre la longitud del brazo corto y la longitud total del cromosoma.

Para comparar los parámetros de clasificación cromosómica: índice centromérico (IC), relación brazo largo/brazo corto (q/p) y relación brazo corto/brazo largo (p/q), de cada uno de los cultivares de *G. hirsutum* y de los ecotipos de *G. barbadense* se aplicó un análisis de varianza con dos criterios de clasificación. A su vez se realizó una prueba de normalidad de Wilk-Shapiro, para ver si los datos cumplían con la asunción de normalidad. Las diferencias entre las longitudes de los cromosomas de cada especie, se detectaron mediante la prueba de la Mínima Diferencia Significativa. Siendo ésta una prueba *a priori* se aplicó a cada par cromosómico y longitudes totales de la cromatina, indistintamente de la significatividad de los análisis de varianza, para lograr obtener la mayor cantidad de mínimas diferencias posibles entre los *taxa* infraespecíficos que permitieron determinar las afinidades cromosómicas entre cada uno, dentro del grupo.

En aquellos casos donde la prueba Wilk-Shapiro indicó resultados significativos (datos no normales), se realizó la transformación correspondiente para normalizar los datos, de acuerdo con lo que menciona MOLINERO (2003) que la utilización de transformaciones para lograr que los datos se ajusten a una distribución normal es en muchas ocasiones la solución más natural, ya que existe gran cantidad de parámetros biológicos que tienen una distribución asimétrica y que se convierten en aproximadamente simétricas al transformarlas mediante el logaritmo. Una vez aplicada la fórmula adecuada, se repitió el análisis de varianza para estos parámetros con datos transformados.

La clasificación de los cromosomas se realizó siguiendo la nomenclatura utilizada por LEVAN *ET AL.* (1964), la cual se describe a continuación:

$$\text{Índice Centromérico} = \frac{\text{Longitud del brazo corto del cromosoma (p)}}{\text{Longitud total del cromosoma (p+q)}} \times 100$$

## Clasificación Cromosómica según el Índice Centromérico:

Indice Centromérico	Clasificación Cromosómica
50,00	Metacéntrico (M)
49,99 < x < 37,50	Metacéntrico (m)
37,49 < x < 25,00	Submetacéntrico (sm)
24,99 < x < 12,50	Subtelocéntrico (st)
12,49 < x < 00,00	Telocéntrico (t)

Una vez identificados los complementos por este método, se procedió a clasificarlos de acuerdo a ABRAHAM & PRASSAD (1983), y comparar los resultados entre sí. El sistema de ABRAHAM & PRASSAD propone la siguiente nomenclatura para identificar los cromosomas dentro del complemento de cualquier especie:

Nomenclatura	Notación	$R_1$	$R_2$	$I_1$	$I_2$
Mediano	M	1,00	1,00	50,00	50,00
Casi mediano	nm	0,99 - 0,61	1,01 - 1,63	49,99 - 38,01	50,01 - 61,99
Casi submediano	nsm (-)	0,60 - 0,34	1,64 - 2,99	38,00 - 25,01	62,00 - 74,99
Submediano	SM	0,33	3,00	25,00	75,00
Casi submediano	nsm (+)	0,32 - 0,23	3,01 - 4,26	24,99 - 18,20	75,01 - 81,80
Casi subterminal	nst (-)	0,22 - 0,15	4,27 - 6,99	18,19 - 12,51	81,81 - 87,49
Subterminal	ST	0,14	7,00	12,50	87,50
Casi subterminal	nst (+)	0,13 - 0,07	7,01 - 14,38	12,49 - 5,01	87,51 - 94,99
Casi terminal	nt	0,06 - 0,01	14,39 - 19,99	5,00 - 0,01	95,00 - 99,99
Terminal	T	0,00	$\infty$	0,00	100,00

$R_1$ : Arm Ratio (p/q)     $I_1$ : Índice centromérico (100 x p/(p+q))  
 $R_2$ : Arm Ratio (q/p)     $I_2$ : Índice centromérico (100 x q/(p+q))

## RESULTADOS

PARÁMETROS DE CLASIFICACIÓN CROMOSÓMICA GENERAL OBTENIDOS PARA EL CULTIVAR CABUYARE DE *GOSSYPIMUM HIRSUTUM*

## ANÁLISIS DE LA VARIANZA

En el caso del cultivar Cabuyare, se reflejan los resultados en la tabla 1, en los cuales se observaron diferencias estadísticas significativas para las longitudes de brazo corto, de brazo largo y longitud total.

Tabla 1. Análisis de varianza de los parámetros de clasificación cromosómica del cultivar Cabuyare de *G. hirsutum*.

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Cuadrados Medios		
		IC	q/p	p/q
Bloques	4	6.56459	0.00122	0.00503
Cromosomas	25	7,48696 ns	0,00146 ns	0,00536 ns
Error Experimental	100	6.93194	0.00134	0.00509
Total	129			
CV %		6.67	10.76	10.89

\*: Significativo ( $p \leq 0,05$ )

Los resultados de la prueba de Wilk-Shapiro permitieron detectar diferencias significativas para la relación brazo largo/brazo corto (q/p), por lo que se procedió a realizar las pertinentes transformaciones, siendo solo efectiva la “normalización” de los datos a través de la fórmula  $\log(X + 0,5)$ .

Los coeficientes de variación obtenidos fueron 6,44% para índice centromérico; 10,76% para relación brazo largo/brazo corto (q/p) y 10,59% para la relación brazo corto/brazo largo. Es de hacer notar que luego de la transformación de los datos de la relación brazo largo/brazo corto (q/p), el correspondiente análisis de varianza arrojó un coeficiente de variación de 11,17%.

#### ANÁLISIS DE LOS PROMEDIOS

En la tabla 2 se muestra el análisis de promedios de los parámetros obtenidos para este cultivar. Se puede apreciar que la relación brazo largo/brazo corto (q/p) presenta un ordenamiento de valores fuera del paréntesis, el cual se refiere al obtenido al aplicar la prueba de promedios luego de la respectiva transformación de los datos. Los valores dentro de paréntesis se refieren a los promedios originales observados para cada parámetro. En cuanto a las relaciones entre longitudes cromosómicas, se distingue que no poseen mayor separación estadística entre medias y en la mayoría de los casos son muy similares.

El par 25 muestra el valor para índice centromérico (41,508%), siendo estadísticamente al par 1 y compartiendo ámbitos de similitud con los pares 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 20, 22, 23, 24 y 26. El menor valor observado corresponde al par 17: 36,594%.

En la tabla 2 se presenta el ordenamiento de la prueba de Mínima Diferencia Significativa para los datos de relación brazo largo/brazo corto (q/p) transformados y entre paréntesis se muestran los valores originales; resultando que el mayor y menor valores promedios para este parámetro los presentan los pares 17 y 25, respectivamente.

Tabla 2. Promedios para índice centromérico (IC), relación brazo largo/brazo corto (q/p) y relación brazo corto/brazo largo (p/q) para *G. hirsutum* Cabuyare.

Par	IC	q/p	p/q
1	41,2050 a †	0,2850 d (1,4285)‡	0,7014 abc
2	39,9900 abcd	0,3013 bcd (1,5023)	0,6669 abcde
3	40,6940 abc	0,2886 cd (1,4483)	0,6961 abcd
4	40,7520 abcd	0,2915 bcd (1,4613)	0,6901 abcd
5	39,0070 abcde	0,3150 abcd (1,5688)	0,6408 abcde
6	39,3890 abcde	0,3103 abcd (1,5500)	0,6528 abcde
7	39,1100 abcde	0,3163 abcd (1,5972)	0,6511 abcd
8	46,6060 abcd	0,2938 bcd (1,4744)	0,6877 abcd
9	38,9510 abcde	0,3157 abcd (1,5711)	0,6389 abcde
10	38,3180 abcde	0,3252 abcd (1,6217)	0,6241 abcde
11	39,8830 abcde	0,3028 bcd (1,5100)	0,6642 abcde
12	39,3140 abcde	0,3113 abcd (1,5546)	0,6507 abcde
13	38,4520 abcde	0,3227 abcd (1,6047)	0,6257 abcde
14	39,4130 abcde	0,3097 abcd (1,5457)	0,6530 abcde
15	38,9090 abcde	0,3168 abcd (1,5807)	0,6396 abcde
16	37,5460 de	0,3373 ab (1,6903)	0,6084 de
17	36,5940 e	0,3494 a (1,7406)	0,5787 e
18	39,3960 abc	0,3100 abcd (1,5470)	0,6525 abcde
19	38,1740 bcde	0,3271 abcd (1,6297)	0,6202 bcde
20	39,7420 abcde	0,3050 abcd (1,5218)	0,6611 abcde
21	37,8890 cde	0,3319 abc (1,6611)	0,6144 cde
22	40,5640 abcd	0,2935 bcd (1,4669)	0,6830 abcd
23	40,0230 abcd	0,3008 bcd (1,4997)	0,6676 abcde
24	39,5170 abcde	0,3083 abcd (1,5394)	0,6556 abcde
25	41,5080 a	0,2813 d (1,4142)	0,7114 a
26	41,3710 ab	0,2834 d (1,4265)	0,7088 ab
LSD	33036	0,0459 (0,2218)	0,0896
CV%	6,67	10,76	10,89

† Letras diferentes indican promedios diferentes, según la prueba de MDS ( $p \leq 0,05$ ). ‡ Los valores originales para la relación brazo largo/brazo corto (q/p) se muestran entre paréntesis y fueron analizadas con la transformación  $\log(X + 0,5)$

Como era de esperarse, los valores para este ítem son inversos con respecto del anterior, observándose el mayor valor para relación p/q en el par 25 (0,711), y el menor en el par 17 (0,579).

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LOS SISTEMAS DE CLASIFICACIÓN PROPUESTOS POR LEVAN *et al.* (1964) Y ABRAHAM & PRASSAD (1983)

Tal como se muestra en la tabla 5, el sistema de clasificación de LEVAN *et al.* (1964) identificó que de los 26 pares cromosómicos del complemento de este cultivar, sólo un par es submetacéntrico (sm) mientras que el sistema de ABRAHAM & PRASSAD (1983) los clasifica en 23 pares metacéntricos (nm) y tres pares submetacéntricos con el centrómero en la zona submedia [nm(-)], siendo que uno de estos últimos coincide con el único submetacéntrico distinguido por el sistema de LEVAN *et al.* (1964).

PARÁMETROS DE CLASIFICACIÓN CROMOSÓMICA GENERAL OBTENIDOS PARA EL CULTIVAR DELTAPINE-16 DE *G. HIRSUTUM*

La tabla 3 reporta los resultados obtenidos del análisis de varianza para las longitudes cromosómicas en este cultivar. En el mismo se distinguen diferencias estadísticas significativas para todos los parámetros evaluados. Los coeficientes de variación obtenidos fueron: 2,33% para índice centromérico; 11,83% para arm la relación brazo largo/brazo corto (q/p) y 11,63% para la relación brazo corto/brazo largo (p/q).

ANÁLISIS DE PROMEDIOS

Tal como se muestra en el análisis de promedios para los parámetros de clasificación cromosómica del cultivar Deltapine-16 (Tabla 4), el par

Tabla 3. Análisis de varianza de los parámetros de clasificación cromosómica del cultivar Deltapine-16 de *G. hirsutum*.

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Cuadrados Medios		
		IC	q/p	p/q
Bloques	4	10.6601	0.04593	0.00742
Cromosomas	25	22,03890 *	0,09633 *	0,01669 *
Error Experimental	100	7.5032	0.03535	0.00554
Total	129			
CV %		7.04	11.83	11.63

\*: Significativo ( $p \leq 0,05$ )

26 presenta el mayor valor promedio para índice centromérico (43,378%), siendo estadísticamente similar a los pares 1, 4, 5, 7, 23, 24 y 25. El menor valor corresponde al par 18 (35,957%), y es estadísticamente similar a los pares 14 y 17, y comparten ámbito de similitud con los pares 2, 6, 8, 9, 11, 12, 13, 15, 19, 20, 21 y 22. Tabla 4. Promedios para índice centromérico (IC), relación brazo largo/brazo corto (q/p) y relación brazo corto/brazo largo (p/q) para *G. hirsutum* Deltapine-16

Con el mayor valor promedio para la relación brazo largo/brazo corto (q/p) (1,789), se observa que el par 15 es estadísticamente similar a los pares 2, 6, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 16, 17, 18, 19, 20, 21 y 22. Por el contrario, el menor valor lo presenta el par 26 (1,308), siendo estadísticamente similar a los pares 1, 3, 4, 5, 7, 10, 23, 24 y 25. Por otro lado, las relaciones

Tabla 4. Promedios para índice centromérico (IC), relación brazo largo/brazo corto (q/p) y relación brazo corto/brazo largo (p/q) para *G. hirsutum* Deltapine-16.

Par	IC		q/p		p/q	
1	40,7440	abcdef †	1,4552	fg hi	0,6879	abcdef
2	37,9690	defghij	1,6355	abcdef	0,6125	defghi
3	39,6780	bcdefgh	1,5259	cdefghi	0,6592	bcdefgh
4	40,0020	abcdefg	1,5136	defghi	0,6713	bcdefg
5	40,0640	abcdefg	1,5043	defghi	0,6712	bcdefg
6	36,4590	hij	1,7593	abc	0,5767	hi
7	41,0480	abcd	1,4645	efghi	0,7055	abcd
8	37,9310	defghij	1,6976	abcde	0,6248	defghi
9	39,1260	cdefghij	1,5794	abcdefgh	0,6493	cdefghi
10	39,6120	bcdefghi	1,5343	bcdefghi	0,6587	bcdefgh
11	38,8140	defghij	1,5985	abcdefg	0,6399	defghi
12	38,9560	cdefghij	1,5703	abcdefgh	0,6390	defghi
13	37,4440	fghij	1,6801	abcdef	0,6005	fghi
14	36,1600	j	1,7767	a	0,5864	hi
15	36,1960	ij	1,7893	a	0,5719	hi
16	36,9530	ghij	1,7081	abcd	0,5865	ghi
17	36,1740	j	1,7667	ab	0,5672	hi
18	35,9570	j	1,7859	a	0,5623	i
19	37,5910	efghij	1,6626	abcdef	0,6029	efghi
20	37,8600	defghij	1,6432	abcdef	0,5973	fghi
21	38,2540	defghij	1,6168	abcdef	0,6202	defghi
22	38,5950	defghij	1,5938	abcdefg	0,6292	defghi
23	40,8850	abcde	1,4540	fg hi	0,6943	abcde
24	42,3890	abc	1,3653	ghi	0,7381	abc
25	42,6930	ab	1,3437	hi	0,7456	ab
26	43,3780	a	1,3077	i	0,7671	a
LDS	34,371		0,2359		0,0934	
CV%	7,04		11,83		11,63	

† Letras diferentes indican promedios diferentes, según la prueba de MDS ( $p \leq 0,05$ ).



estadísticas entre medias para la relación brazo corto/brazo largo (p/q) son inversas a las del parámetro anterior (Tabla 4).

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LOS SISTEMAS DE CLASIFICACIÓN PROPUESTOS POR LEVAN *ET AL* (1964) Y ABRAHAM & PRASSAD (1983)

De acuerdo con el sistema de clasificación de ABRAHAM & PRASSAD (1983), es posible agrupar los cromosomas de *G. hirsutum* Deltapine-16 en 16 cromosomas metacéntricos en la zona media (nm) y 10 submetacéntricos en la zona submedia (nms(-)), correspondientes a los pares 6, 8, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 y 20. De estos pares, siete coinciden con los submetacéntricos identificados por el método de LEVAN *et al.* (1964) mencionados en la sección anterior (Tabla 5).

Tabla 5. Clasificación del complemento cromosómico de los cultivares Cabuyare y Deltapine-16 de *G. hirsutum*, aplicando dos métodos nomenclaturales.

<i>Gossypium hirsutum</i> L. Cabuyare			<i>Gossypium hirsutum</i> L. Deltapine-16		
Par	Levan <i>et al</i> (1964)	Abraham & Prasad (1983)	Par	Levan <i>et al</i> (1964)	Abraham & Prasad (1983)
1	m	nm	1	m	nm
2	m	nm	2	m	nm
3	m	nm	3	m	nm
4	m	nm	4	m	nm
5	m	nm	5	m	nm
6	m	nm	6	sm	nsm (-)
7	m	nm	7	m	nm
8	m	nm	8	m	nsm (-)
9	m	nm	9	m	nm
10	m	nm	10	m	nm
11	m	nm	11	m	nm
12	m	nm	12	m	nm
13	m	nm	13	sm	nsm (-)
14	m	nm	14	sm	nsm (-)
15	m	nm	15	sm	nsm (-)
16	m	nsm (-)	16	sm	nsm (-)
17	sm	nsm (-)	17	sm	nsm (-)
18	m	nm	18	sm	nsm (-)
19	m	nm	19	m	nsm (-)
20	m	nm	20	m	nsm (-)
21	m	nsm (-)	21	m	nm
22	m	nm	22	m	nm
23	m	nm	23	m	nm
24	m	nm	24	m	nm
25	m	nm	25	m	nm
26	m	nm	26	m	nm

PARÁMETROS DE CLASIFICACIÓN CROMOSÓMICA GENERAL OBTENIDOS PARA EL ECOTIPO FIBRA BLANCA DE *G. BARBADENSE*

ANÁLISIS DE LA VARIANZA

El análisis de varianza para los parámetros cromosómicos del ecotipo Fibra Blanca se muestran en la tabla 6. Para todos los ítems evaluados se observaron diferencias significativas. Los coeficientes de variación observados fueron: 6,55% para índice centromérico; 10,87% para relación q/p y 10,81% para relación p/q.

Tabla 6. Análisis de varianza de los parámetros de clasificación general del ecotipo Fibra Blanca de *G. barbadense*.

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Cuadrados Medios		
		IC	q/p	p/q
Bloques	4	10.8323	0.04012	0.00892
Cromosomas	25	26,5870 *	0,11447 *	0,02040 *
Error Experimental	100	6.5856	0.02916	0.00492
Total	129			
CV %		7.39	6.00	3.56

\*: Significativo ( $p \leq 0,05$ )

ANÁLISIS DE PROMEDIOS

En la tabla 7 se observa el análisis de promedios realizado para los parámetros de clasificación cromosómica obtenidos para Fibra Blanca. El par 25 es el que muestra el mayor valor para índice centromérico (45,457%) siendo estadísticamente similar al par 26; mientras que el valor mínimo se observó para el par 16, el cual comparte ámbito de similitud con los pares 15, 17, 18 y 19. En el caso de los arm ratios, el par 16 muestra el mayor valor promedio (1,936) y es estadísticamente similar a los pares 18 y 19. El menor valor observado para arm ratio lo presenta el par 25, siendo éste similar estadísticamente a los pares 9 y 26.

Los valores para este parámetro coinciden con los observados para índice centromérico y son inversos a los observados para la relación brazo largo/brazo corto (q/p). Es decir, el par 25 muestra el valor máximo para relación p/q y el par 16 muestra el valor mínimo, siendo estadísticamente similar a los pares 10, 15 y 17.

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LOS SISTEMAS DE CLASIFICACIÓN PROPUESTOS POR LEVAN *et al.* (1964) Y ABRAHAM & PRASSAD (1983)

En la tabla 10 se distingue la clasificación del complemento de *G. barbadense* ecotipo Fibra Blanca según los dos sistemas de clasificación más reconocidos. Según LEVAN *et al.* (1964) se observan 20 pares

metacéntricos en la zona media y seis pares submetacéntricos. Mientras tanto que por el método de ABRAHAM & PRASSAD (1983) se identifican 19 pares metacéntricos (nm) y siete pares submetacéntricos con el centrómero en la zona submedia (nsm(-)); siendo que seis de éstos coinciden con los submetacéntricos identificados por el sistema anterior.

Tabla 7. Promedios para índice centromérico (IC), relación brazo largo/brazo corto (q/p) y relación brazo corto/brazo largo (p/q) para el ecotipo Fibra Blanca de *G. barbadense*.

Par	IC	q/p	p/q
1	39,0850 cdefgh †	1,5650 cdefgh	0,6433 cdefg
2	39,6270 bcdefgh	1,5334 cdefgh	0,6591 bcdefg
3	40,4030 bcdefg	1,4884 defgh	0,6819 bcdef
4	38,1750 defgh	1,6319 cdef	0,6202 defgh
5	39,6900 bcdefgh	1,5276 cdefgh	0,6604 bcdefg
6	41,3570 bcd	1,4217 fgh	0,7077 bcd
7	38,9180 cdefgh	1,5775 cdefg	0,6393 cdefg
8	40,5380 bcde	1,4765 efgh	0,6851 bcde
9	41,6790 bc	1,4077 ghi	0,7174 bc
10	37,8300 efghi	1,6473 cde	0,6094 efghi
11	39,4300 bcdefgh	1,5563 cdefgh	0,6564 bcdefg
12	39,2450 cdefgh	1,5594 cdefgh	0,6489 cdefg
13	39,9080 bcdefg	1,5283 defgh	0,6692 bcdef
14	39,7060 bcdefgh	1,5336 cdefgh	0,6635 bcdefg
15	37,2600 ghij	1,6940 bcd	0,5959 fghi
16	34,2030 j	1,9362 a	0,5271 i
17	37,2720 fghij	1,6879 bcde	0,5952 fghi
18	36,6560 hij	1,7404 abc	0,5809 ghi
19	34,7740 ij	1,8819 ab	0,5341 hi
20	37,2560 ghi	1,6873 bcde	0,5946 fghi
21	38,9550 cdefgh	1,5706 cdefg	0,6391 cdefg
22	39,0040 cdefgh	1,5696 cdefg	0,6409 cdefg
23	38,9690 cdefgh	1,5776 cdefg	0,6413 cdefg
24	40,4900 bcdef	1,4755 efgh	0,6823 bcdef
25	45,4570 a	1,2063 i	0,8369 a
26	42,5790 ab	1,3508 hi	17,424 b
LSD	32,200	0,2143	0,0880
CV%	6,55	10,87	10,81

† Letras diferentes indican promedios diferentes, según la prueba de MDS ( $p \leq 0,05$ ).

PARÁMETROS DE CLASIFICACIÓN CROMOSÓMICA GENERAL OBTENIDOS PARA EL ECOTIPO FIBRA MARRÓN DE *G. BARBADENSE*

ANÁLISIS DE LA VARIANZA

La tabla 8 presenta el análisis de la varianza para los parámetros de clasificación en *G. barbadense* ecotipo Fibra Marrón. Se observaron diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos, para todos los ítems evaluados con coeficientes de variación de 8,50% para índice centromérico; 14,69% para la relación q/p y 13,74% para la relación p/q.

ANÁLISIS DE PROMEDIOS

El análisis de promedios de las longitudes cromosómicas y otros parámetros de clasificación obtenidos para el ecotipo Fibra Marrón se presentan en la tabla 9.

Tabla 8. Análisis de varianza de los parámetros de clasificación general del ecotipo Fibra Marrón de *G. barbadense*.

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Cuadrados Medios		
		IC	q/p	p/q
Bloques	4	12.4648	0.05941	0.00992
Cromosomas	25	29,96970 *	0,13005 *	0,02314 *
Error Experimental	100	11.0396	0.05417	0.00792
Total	129			
CV %		8.50	14.69	13.74

\*: Significativo ( $p \leq 0,05$ )

El par 26 es el que presenta el mayor valor de índice centromérico (44,795%), siendo estadísticamente similar al par 25. A su vez, estos pares comparten ámbito de similitud con los pares 3, 5, 23 y 24. El par 13 muestra el menor valor promedio para este parámetro, y es estadísticamente similar a los pares 11 y 15.

Con el mayor valor promedio (1,871) para la relación q/p, se observa que el par 15 es estadísticamente similar a los pares 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 16, 17, 19 y 20. Por el contrario, el menor valor para este parámetro lo presenta el par 26 (1,238), siendo estadísticamente similar al par 25; a su vez, ambos pares comparten ámbitos de similitud con los pares 3, 5, 7, 14, 22, 23 y 24. Los valores máximo y mínimo para la relación p/q resultaron ser inversos que para el parámetro anterior. Es decir, el mayor valor lo presenta el par 26 y el mínimo observado, el par 15.

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LOS SISTEMAS DE CLASIFICACIÓN PROPUESTOS POR LEVAN *ET AL* (1964) Y ABRAHAM & PRASSAD (1983)

El sistema de clasificación propuesto por LEVAN *ET AL* (1964) identifica 20 pares metacéntricos en la zona media (m) y seis pares submetacéntricos

Tabla 9. Promedios para índice centromérico (IC), relación brazo largo/brazo corto (q/p) y relación brazo corto/brazo largo (p/q) para el ecotipo Fibra Marrón de *G. barbadense*

Par	IC		q/p		p/q	
1	37,9250	bcd <sup>†</sup>	1,6421	abc <sup>†</sup>	0,6122	cd <sup>†</sup>
2	38,3870	bcd <sup>†</sup>	1,6271	abc <sup>†</sup>	0,6282	cd <sup>†</sup>
3	41,8830	ab	1,3965	fg	0,7273	abc
4	38,6410	bcd <sup>†</sup>	1,6149	abc <sup>†</sup>	0,6364	cd <sup>†</sup>
5	40,9800	abcd	1,4492	defg	0,6971	bcd <sup>†</sup>
6	37,1210	def	1,7371	abcd	0,5979	efgh
7	40,1540	bcd <sup>†</sup>	1,4945	cd <sup>†</sup>	0,6722	cd <sup>†</sup>
8	38,4120	bcd <sup>†</sup>	1,6550	abc <sup>†</sup>	0,6354	cd <sup>†</sup>
9	39,0070	bcd <sup>†</sup>	1,5724	bcd <sup>†</sup>	0,6417	cd <sup>†</sup>
10	38,2210	bcd <sup>†</sup>	1,6309	abc <sup>†</sup>	0,6220	cd <sup>†</sup>
11	35,6870	f	1,8205	ab	0,5580	gh
12	37,1880	def	1,6998	abc <sup>†</sup>	0,5945	efgh
13	35,4820	f	1,8305	ab	0,5519	h
14	40,2020	bcd <sup>†</sup>	1,5136	cd <sup>†</sup>	0,6802	cd <sup>†</sup>
15	35,2530	f	1,8714	a	0,5504	h
16	37,5420	cd <sup>†</sup>	1,6714	abc <sup>†</sup>	0,6028	defgh
17	36,3620	ef	1,7704	abc	0,5749	fgh
18	39,3430	bcd <sup>†</sup>	1,5544	bcd <sup>†</sup>	0,6520	cd <sup>†</sup>
19	38,3210	bcd <sup>†</sup>	1,6193	abc <sup>†</sup>	0,6236	cd <sup>†</sup>
20	38,5280	bcd <sup>†</sup>	1,5981	abc <sup>†</sup>	0,6274	cd <sup>†</sup>
21	39,1050	bcd <sup>†</sup>	1,5766	bcd <sup>†</sup>	0,6471	cd <sup>†</sup>
22	39,9100	bcd <sup>†</sup>	1,5178	cd <sup>†</sup>	0,6679	cd <sup>†</sup>
23	41,4000	abc	1,4272	efg	0,7102	abcd
24	41,6950	abc	1,4077	fg	0,7186	abc
25	44,5550	a	1,2527	g	0,8083	ab
26	44,7950	a	1,2381	g	0,8142	a
LSD	41,691		0,2920		0,1117	
CV%	8,50		14,69		13,74	

† Letras diferentes indican promedios diferentes, según la prueba de MDS ( $p \leq 0,05$ ).

(sm) en *G. barbadense* ecotipo Fibra Marrón. Por otro lado, el sistema de ABRAHAM & PRASSAD (1983) reconoce 18 pares metacéntricos (nm) y ocho pares submetacéntricos en la zona submedia (nsm(-)), donde seis de esos pares coinciden con los llamados submetacéntricos por LEVAN ET AL. (Tabla 10).

Las fórmulas cariotípicas obtenidas para cada genotipo de *Gossypium* evaluado en esta investigación presentan diferencias cuando se clasifican con los dos sistemas aplicados (Tabla 11). Tomando esto en cuenta, se puede inferir que los genotipos de *G. barbadense* son más afines genotípicamente que los de *G. hirsutum* debido a la pequeña diferencia en los agrupamientos nomenclaturales de los cromosomas

Tabla 10. Clasificación del complemento cromosómico de los ecotipos Fibra Blanca y Fibra Marrón de *G. barbadense*, aplicando dos métodos nomenclaturales

<i>Gossypium barbadense</i> L. ecotipo Fibra Blanca			<i>Gossypium barbadense</i> L. ecotipo Fibra Marrón		
Par	Levan <i>et al</i> (1964)	Abraham & Prasad (1983)	Par	Levan <i>et al</i> (1964)	Abraham & Prasad (1983)
1	m	nm	1	m	nsm (-)
2	m	nm	2	m	nm
3	m	nm	3	m	nm
4	m	nm	4	m	nm
5	m	nm	5	m	nm
6	m	nm	6	sm	nsm (-)
7	m	nm	7	m	nm
8	m	nm	8	m	nm
9	m	nm	9	m	nm
10	m	nsm (-)	10	m	nm
11	m	nm	11	sm	nsm (-)
12	m	nm	12	sm	nsm (-)
13	m	nm	13	sm	nsm (-)
14	m	nm	14	m	nm
15	sm	nsm (-)	15	sm	nsm (-)
16	sm	nsm (-)	16	m	nsm (-)
17	sm	nsm (-)	17	sm	nsm (-)
18	sm	nsm (-)	18	m	nm
19	sm	nsm (-)	19	m	nm
20	sm	nsm (-)	20	m	nm
21	m	nm	21	m	nm
22	m	nm	22	m	nm
23	m	nm	23	m	nm
24	m	nm	24	m	nm
25	m	nm	25	m	nm
26	m	nm	26	m	nm

submetacéntricos (sm en LEVAN *ET AL.* 1964, nm(-) en ABRAHAM & PRASSAD 1983). Es probable que debido a la alta tasa de mejoramiento dirigido al cultivo de algodón, los materiales de *G. hirsutum* presenten mayor variabilidad en la morfología cromosómica, explicando las diferencias entre las fórmulas cariotípicas. Estas variaciones morfológicas dentro de los cromosomas en las especies cultivadas tienen gran importancia en la ubicación de los genes, sus mutaciones y las posibilidades de introgresión entre especies para mejoramiento de la calidad y rendimiento de los cultivos.

Tabla 11. Resumen comparativo de la clasificación de los complementos cromosómicos de los materiales evaluados empleando dos métodos nomenclaturales.

Materiales Genéticos		Levan <i>et al.</i> (1964)	Abraham & Prasad (1983)
<i>Gossypium</i> <i>hirsutum</i>	Cabuyare	25 m + 1 sm (Par 17)	23 nm + 3 nm(-) (Pares 16,17, 21)
	Deltapine-16	19 m + 7 sm (Pares 6, 13 al 18)	16 nm + 10 nm(-) (Pares 6, 8, 13 al 20)
<i>Gossypium</i> <i>barbadense</i>	Fibra Blanca	20 m + 6 sm (Pares 15 al 20)	19 nm + 7 nm(-) (Pares 10, 15 al 20)
	Fibra Marrón	20 m + 6 sm (Pares 6, 11 al 13, 15, 17)	18 nm + 8 nm(-) (Pares 1, 6, 11 al 13, 15 al 17)

## DISCUSIÓN

De acuerdo con lo observado, el resultado de la comparación indica una alta afinidad entre los métodos diferenciándose por la variación de rangos para nominar entre uno u otro par cromosómico. La mayor ventaja definida por el método de ABRAHAM & PRASSAD (1983) consiste en la ampliación del número de caracteres para evaluar los parámetros, reduciendo el rango de valores por cada nominalización, a fin de generar una diferencia más crítica y sutil entre los pares evaluados con respecto del método de LEVAN *et al.* (1964). A pesar de ello su aplicabilidad sobre los complementos cromosómicos de *Gossypium* incluidos en este estudio resultó poco satisfactoria ya que las diferencias entre los pares son pequeñas. Por esta razón, el método de clasificación de LEVAN *ET AL.* (1964) resultó más práctico y simple para clasificar la morfología cromosómica de los cultivares de *G. hirsutum* y los ecotipos de *G. barbadense*.

LEVAN *et al.* (1964) nombran los cromosomas como acrocéntricos, metacéntricos y submetacéntricos basado en el índice centromérico, mientras que ABRAHAM & PRASSAD (1983) recomendaron una subdivisión adicional de estos tipos de cromosomas, pero la aplicación de este procedimiento a cromosomas cortos tiene sus restricciones, como ha quedado demostrado en este trabajo.

Los parámetros cromosómicos de cada cultivar y ecotipo mostraron diferencias estadísticas significativas en el análisis de varianza y en la prueba de promedios cuando se efectuó la comparación de los cromosomas dentro de cada material genético.

Se requiere realizar ensayos posteriores con mayor número de materiales genéticos de *Gossypium*, sean especies distintas o *taxa* infraespecíficos, para evaluar las afinidades cromosómicas entre las mismas y determinar cuales serán los más adecuados para realizar introgresiones de genes que vayan en función del mejoramiento de la calidad de la fibra.

### RESUMEN

La clasificación nomenclatural del complemento cromosómico de los materiales de *Gossypium* presenta una oportunidad para desarrollar estudios con fines de mejoramiento genético y las perspectivas taxonómicas de las formas cultivadas. En este trabajo se procedió preparar los cariotipos utilizando el método de KAWANO (1965) para medir los brazos cromosómicos con un ocular micrométrico y se calculó la relación de los brazos cromosómicos (o arm ratio) y el índice centromérico. LEVAN ET AL. (1964) clasifican los cromosomas como acrocéntricos, metacéntricos y submetacéntricos basado en el índice centromérico, mientras que ABRAHAM & PRASSAD (1983) aplicaron una subdivisión adicional de estos tipos de cromosomas en el arreglo nomenclatural. De acuerdo con lo observado, el resultado de la comparación indica una alta afinidad entre los métodos diferenciándose por la variación de rangos para nominar entre uno u otro par cromosómico. Los parámetros cromosómicos de cada cultivar y ecotipo mostraron diferencias estadísticas significativas en el análisis de varianza y en la prueba de promedios.

PALABRAS CLAVE: algodón; fórmula-cariotípica; ecotipos; cultivares; *Gossypium*.

### SUMMARY

The nomenclatural classification of chromosomal complement of *Gossypium* materials shows an opportunity for developing studies about genetic improvement and taxonomic perspectives of cultivated forms. In this work, we proceed to prepare karyotypes by KAWANO'S METHOD (1965) to measure chromosomal arms with a microscope lens and we calculated the relation between chromosomal arms (or arm ratio) and centromeric index. In agreement with our observations, comparative results point us to a high affinity between both methods differ in the ranks variation to name a chromosomal pair. LEVAN ET AL. (1964) classified chromosomes based in centromeric index as acrocentrics, metacentric and submetacentric while ABRAHAM & PRASSAD (1983) recommend and applied an additional subdivision of the type of nomenclatural ranks. All chromosomal parameters in every cultivar and ecotype show significant statistical difference in Anova and means test.

Keywords: cotton; karyotypic-formula; cultivars; *Gossypium*; ecotypes



## RÉSUMÉ

La classification du nomenclature du complément chromosomique de *Gossypium* montre une occasion pour études en voie de développement au sujet d'amélioration génétique et perspectives taxonomique des formes cultivées. Dans ce travail, nous préparer caryo types par la méthode de Kawano (1965) pour mesurer des bras chromosomique avec une lentille du microscope et nous avons calculé la relation entre brasses (ou ratio du bras) et index du centromerique. En accord avec nos observations, les résultats comparatifs nous pointent à une haute affinité entre les deux méthodes différez dans la variation des rangs pour nommer une paire chromosomique. Levan et al. (1964) les chromosomes classifiés basés dans centromeric indexent comme acrocentric, metacentrique et submetacentrique pendant qu'Abraham & Prasad (1983) recommandez et a appliqué une subdivision nomenclaturel supplémentaire du type de rangs. Tous les paramètres du chromosomique dans chaque cultivar et ecotype montrent la différence statistique significatif dans Anova et le teste des moyens.

MOTS CLÉS: coton; formule-caryotypique; cultivars; *Gossypium*; écotype.

AGRADECIMIENTO — Al Consejo de Investigación de la Universidad de Oriente, por el aporte económico en la ejecución del proyecto N° CI-3-0601-1140/03

## BIBLIOGRAFÍA

- ABRAHAM, Z. & P. N. PRASAD. 1983. A system of chromosome classification and nomenclature. *Cytologia* 48 (1): 95-101.
- HEITZ, E. 1925. Der Nachweis der Chromosomen. Vergleichende Studien über ihre Zahl, Grösse und Form. *Z. Bot.* 18: 625-681.
- KAWANO, S. 1965. Application of pectinase and cellulase in an orcein squash method. *Bot. Mag.* 78: 36-42.
- LEVAN, A.; K. FFREDGA & A. SANDBERG. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas* 52: 201-220.
- MARVAL, A. 1994. *Estudio comparativo del complemento cromosómico de Cajanus cajan (L.) Huth., Phaseolus aureus Roxb., Vigna unguiculata (L.) Walp., Psophocarpus tetragonobolus (Sickm.) DC y Lens culinaris Medic pertenecientes a la familia Leguminosae.* Trabajo de Grado para *Magister Scientiarum* en Biología. Universidad de Oriente, Escuela de Ciencias. Cumaná, Estado Sucre, Venezuela. 132 pp.

- MOLINERO, L. M. 2003. *¿Y si los datos no se ajustan a una distribución normal?... Bondad de ajuste a una normal, transformaciones y pruebas no paramétricas*. Sociedad Española de Hipertensión. Liga Española para la lucha contra la hipertensión arterial. Dirección URL: <http://www.seh-lelha.org/pdf/noparame.pdf>. Accesado 22/01/2005.
- VALDÉS, B. 1997. *Botánica. Capítulo 5. Caracteres taxonómicos: Citología y Citogenética*. Mc Graw-Hill Interamericana de España, S.A.U. Madrid, España. Pp133-154.

---

Recebido em 17 de novembro de 2008.