



XXVIII REUNIÓN DE COMUNICACIONES CIENTÍFICAS, TÉCNICAS Y DE EXTENSIÓN

2, 3 Y 4 DE AGOSTO – 2023

ISBN 978-987-3619-92-2



ISBN 978-987-3619-92-2



9 789873 619922

www.agr.unne.edu.ar



Universidad Nacional del Nordeste. Facultad de Ciencias Agrarias
XXVIII Reunión de Comunicaciones Científicas, Técnicas y de
Extensión: agosto 2023. - 1a edición especial - Corrientes:
Universidad Nacional del Nordeste.
Facultad de Ciencia Agrarias, 2023.
Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online
ISBN 978-987-3619-92-2

1. Comunicación Científica. 2. Proyectos de Investigación.
I, Título CDD 601

Autoridades

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL NORDESTE

RECTOR:

Prof. Omar Larroza

VICERRECTOR:

Ing. José Leandro Basterra

FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS - UNNE

DECANO:

Ing. Agr. (Dr.) Mario H. URBANI

VICEDECANO:

Ing. Agr. (Dr.) Aldo C. BERNARDIS

SECRETARIO DE EXTENSIÓN Y TRANSFERENCIA:

Ing. Agr. José Alejandro SÁNCHEZ

SECRETARIA ACADÉMICA:

E.E. (Dra.) Laura Itati GIMENEZ

SUBSECRETARIA ACADÉMICA:

Ing. (Mgter) Claudia R. SCREPNIK

SECRETARIO DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO:

Ing. Agr. (Dr.) Humberto Carlos DALURZO

SECRETARIA DE ASUNTOS ESTUDIANTILES:

Ing. Agr. (Dra.) María Esperanza SARTOR

SECRETARIA ADMINISTRATIVA:

Cra. Lisa María DEL VALLE





DESARROLLO DE UN PROTOCOLO PARA LA AMPLIFICACIÓN POR PCR DE MICROSATÉLITES EN YERBA MATE

**MONTENEGRO, Federico¹; DUARTE, María J. ^{1,2}; LUNA, Claudia V. ^{1,2}; ACEVEDO, Raúl M. ^{1,2};
SANSBERRO, Pedro A. ^{1,2}**

La Yerba Mate (*Ilex paraguariensis*) es una planta importante en América del Sur debido a su valor económico y cultural. A pesar de ello aún son incipientes los estudios de biodiversidad que se ocupan de esta especie. Los marcadores moleculares son herramientas poderosas para analizar la diversidad del genoma. Los microsatélites siguen siendo el marcador de elección para estudios de diversidad y estructura genética, en los que la codominancia es esencial. Se trabajó en el desarrollo de microsatélites como marcadores moleculares para su uso en estudios de diversidad en yerba mate. Las secuencias del genoma de *I. paraguariensis* se descargaron del repositorio “Assembly” del NCBI (National Center for Biotechnology Information de los EE. UU.). **Luego, por medio** del programa KRAIT v1.3.3 se realizó la búsqueda, análisis y clasificación de secuencias compatibles con las características de los microsatélites. Según la definición de *microsatélite perfecto* (SSR: *Simple Sequence Repeats*), las repeticiones mínimas deben ser 12 para mononucleótidos, 7 para dinucleótidos, 5 para trinucleótidos, 4 para tetranucleótidos, 4 para pentanucleótidos y 4 para hexanucleótidos. En los *microsatélites imperfectos* (iSSR: imperfect SSR), además se admiten sustituciones e indels. Así se identificaron 353.088 SSRs y 1.704.005 iSSRs. Entre los SSRs, los motivos repetitivos más abundantes en el genoma fueron: el mononucleótido A (40,54%), los dinucleótidos AG (19,30%), AT (12,47%), AC (8,32%), el mononucleótido C (3,72%), los trinucleótidos ACC (3,14%), AAG (2,27%), AAT (2,22%), AAC (0,55%) y el tetranucleótido AAAT (1,59%). A partir de estos resultados, se seleccionaron 50 SSRs, y sobre sus regiones adyacentes se diseñaron pares de cebadores específicos utilizando la herramienta PRIMER3 PLUS. A continuación, se realizó la extracción de ADN a partir de hojas con el kit GenElute™ (SIGMA), se evaluó la integridad en gel de agarosa 0,8% y tinción con el colorante GelGreen® (Biotium®) y posteriormente el ADN genómico se cuantificó por absorción a 260 nm en un equipo NanoDrop (Thermo). Por último, se desarrolló un protocolo de PCR, que permite la amplificación de manera individual de 9 microsatélites perfectos. Estos marcadores específicos de Yerba Mate permitirán realizar estudios de polimorfismo genético y de diversidad en esta especie, lo que será de gran importancia para su conservación y para su uso en programas de mejoramiento genético. Además, la metodología utilizada en este trabajo podrá ser adaptada y aplicada en la búsqueda de microsatélites en otras especies cercanas de *Ilex*. La transferibilidad de microsatélites entre especies relacionadas está permitida por la naturaleza homóloga de la secuencia de ADN en las regiones flanqueantes de microsatélites.

¹ Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional del Nordeste (UNNE).

² Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET)