

Area: CE - Cs. Exactas y Naturales

Título del Trabajo: DIVERSIDAD Y DISTRIBUCIÓN CROMOSÓMICA DE RETROELEMENTOS NO- LTR EN ESPECIES DE ARACHIS (LEGUMINOSAE) CON GENOMA A

Autores: SAMOLUK, SERGIO S.- CARISIMO, DIEGO, A.- SEIJO, JOSÉ G.

E-mail de Contacto: ssamoluk@agr.unne.edu.ar

Teléfono: 3794- 726932

Tipo de Beca: CONICET Tipo II

Resolución Nº: 002547/12

Período: 01/04/2013 - 01/04/2015

Proyecto Acreditado: Análisis genómicos y epigenéticos en el germoplasma de maní. F008/ 2011. Período 01/01/2011- 31/12/2013. SGCyT- UNNE.

Lugar de Trabajo: IBONE - Instituto de Botánica del Nordeste

Palabras Claves: LINEs, secuencias repetidas, hibridación in situ fluorescente

Resumen:

Los retroelementos forman parte del ADN repetitivo y juegan un papel importante tanto en la evolución como en la estructura de los genomas de las plantas. La sección *Arachis* está formada por 31 especies agrupadas en cinco genomas (A, B, D, F y K), con 29 especies diploides silvestres y 2 especies allotetraploidoides. A pesar de que existe una colinearidad conservada de diferentes marcadores moleculares entre las especies de *Arachis* con diferentes genomas, análisis de GISH sugieren una gran divergencia a nivel de secuencia. Sobre estas bases, se ha planteado la hipótesis de que la fracción repetitiva de ADN puede haber impulsado o participado en la diferenciación del genoma de *Arachis*. Considerando estos antecedentes, y como primer paso para poner a prueba esta hipótesis, se analizó la diversidad de un grupo de LINEs (retroelementos no-LTR) en 3 especies de la sección *Arachis* que pertenecen al genoma A (*A. duranensis*, *A. helodes* y *A. cardenasi*). Para este propósito, se aislaron por PCR 15 secuencias de la región conservada del gen de la transcriptasa reversa a partir de ADN genómico de las 3 especies utilizando oligonucleótidos degenerados. Las secuencias amplificadas mostraron un 81% de variabilidad nucleotídica y codones de stop en el 40% de las secuencias alineadas. Sin embargo, tenían una alta homología a nivel de aminoácidos. Estas secuencias también mostraron una alta homología con los motivos aminoacídicos de la transcriptasa reversa con LINEs presentes en otras angiospermas y gimnospermas. A pesar de la amplia distribución de estos elementos en diferentes grupos de plantas, el dendograma Neighbor- Joining reveló que las secuencias de *Arachis* forman un único grupo, aunque se observaron subclusters no específicos de especie. Esta agrupación sugiere que la diversificación de los elementos presentes en *Arachis* tuvo lugar antes del origen del genoma A. La hibridación in situ fluorescente reveló un patrón de señales débiles y dispersas en la mayor parte de los cromosomas de las tres especies analizadas, lo que sugiere que a pesar de que estos elementos son ubicuos, tienen una baja representación en el genoma A.