

Area de Beca: CE - Cs. Exactas y Naturales

Título del Trabajo: PATRONES DE DISTRIBUCIÓN DE MODIFICACIONES COVALENTES DE HISTONAS Y DE ADN EN *ARACHIS HYPOGAEA* (LEGUMINOSAE) Y SU CORRELACIÓN CON LA DISTRIBUCIÓN DE SECUENCIAS REPETIDAS

Autores: SAMOLUK, SERGIO S.- SEIJO, JOSÉ G

E-mail de Contacto: samocarp@hotmail.com

Teléfono: 3794726932

Tipo de Beca: CONICET Tipo II

Resolución N°: 002547/12

Período: 01/04/2013 - 01/04/2015

Proyecto Acreditado: Análisis genómicos y epigenéticos en el germoplasma de maní. F008-2011. Periodo: 01/01/2011 - 31/12/2013. SGCyT, UNNE. Responsable: Dr. Guillermo Seijo.

Lugar de Trabajo: IBONE - Instituto de Botánica del Nordeste

Palabras Claves: Inmunodetección, hibridación in situ, elementos repetidos

Resumen:

La sección *Arachis* (género homónimo) comprende veinte nueve especies diploides ($2n=2x=20$) pertenecientes a cinco genomas diferentes (A, B, D, F y K) y dos especies alotetraploides ($2n=4x=40$) con constitución genómica AABB. El maní (*A. hypogaea*) es una especie alotetraploide cultivada en regiones cálidas del mundo y constituye una importante fuente de proteínas y aceites comestibles. Estudios basados en marcadores moleculares, mapeo físico de genes ribosomales y análisis de hibridación *in situ* genómica han determinado que *A. duranensis* (genoma A) y *A. ipaënsis* (genoma B) son los progenitores más probables del cultígeno. A pesar de que se ha sugerido que los cambios en la fracción de ADN repetitivo habría sido una de las principales fuerzas que condujo a la diferenciación del genómica de *Arachis*, estudios basados en secuencias repetitivas mostraron que los procesos de hibridación y la duplicación genómica que dieron lugar al maní habrían ocurrido sin cambios significativos en la fracción de ADN repetitivo. Sin embargo, hasta ahora no se dispone de información relativa a los estados epigenéticos de los genomas diploides y tetraploides. Con el fin de aportar información respecto de este tema, en este trabajo hemos establecido los patrones de distribución de las modificaciones covalentes de ADN (5- metilcitosina) y de histonas (H2AT120 fosforilada y H3K4 dimetilada), y sus relaciones con la distribución cromosómica de dos clases de retroelementos (LINEs y Ty3- gypsy) y de la secuencia de satélite A- TR2 en el genoma de maní. Todos los cromosomas del complemento B mostraron señales de 5- metilcitosina, generalmente localizadas a lo largo de toda la longitud del cromosoma, mientras que el complemento A presentó señales más débiles que las observadas en el complemento de B, preferencialmente localizadas en las regiones intersticiales con una marcada disminución en las regiones centroméricas. Por otro lado, se detectaron señales de H3K4 dimetilada en las regiones intersticiales y distales de los cromosomas, con una ausencia de señales en los centrómeros. La inmunodetección de H2AT120 fosforilada reveló señales intensas en todos los centrómeros de los cromosomas de los complementos A y B. Cabe destacar que en el genoma A, estas señales colocalizan con las bandas de heterocromatina. Los resultados de experimentos de hibridación *in situ* fluorescente muestran que la distribución de retroelementos LINEs no es coincidente con ninguno de los patrones de las modificaciones epigenéticas, mientras que los retroelementos Ty3- gypsy siguen el patrón de distribución de 5 - metilcitosina y del marcador de eucromatina H3K4 dimetilado. Las secuencias ATR- 2, localizadas en las bandas de heterocromatina pericentromérica, se superpone con la inmunodetección de las histonas H2AT120 fosforiladas y los sitios hipometilados de las regiones centroméricas, lo que sugeriría de que estas secuencias están involucradas en funciones centroméricas. Estos datos ponen de manifiesto la existencia de diferentes patrones epigenéticos en los genomas A y B de *A. hypogaea*.

Becario
(Firma)Co-Autor
(Firma)Co-Autor
(Firma)Director de Beca
(Firma y Aclaración)Director de Proyecto
(Firma y Aclaración)

Control: 23s1b4d70