

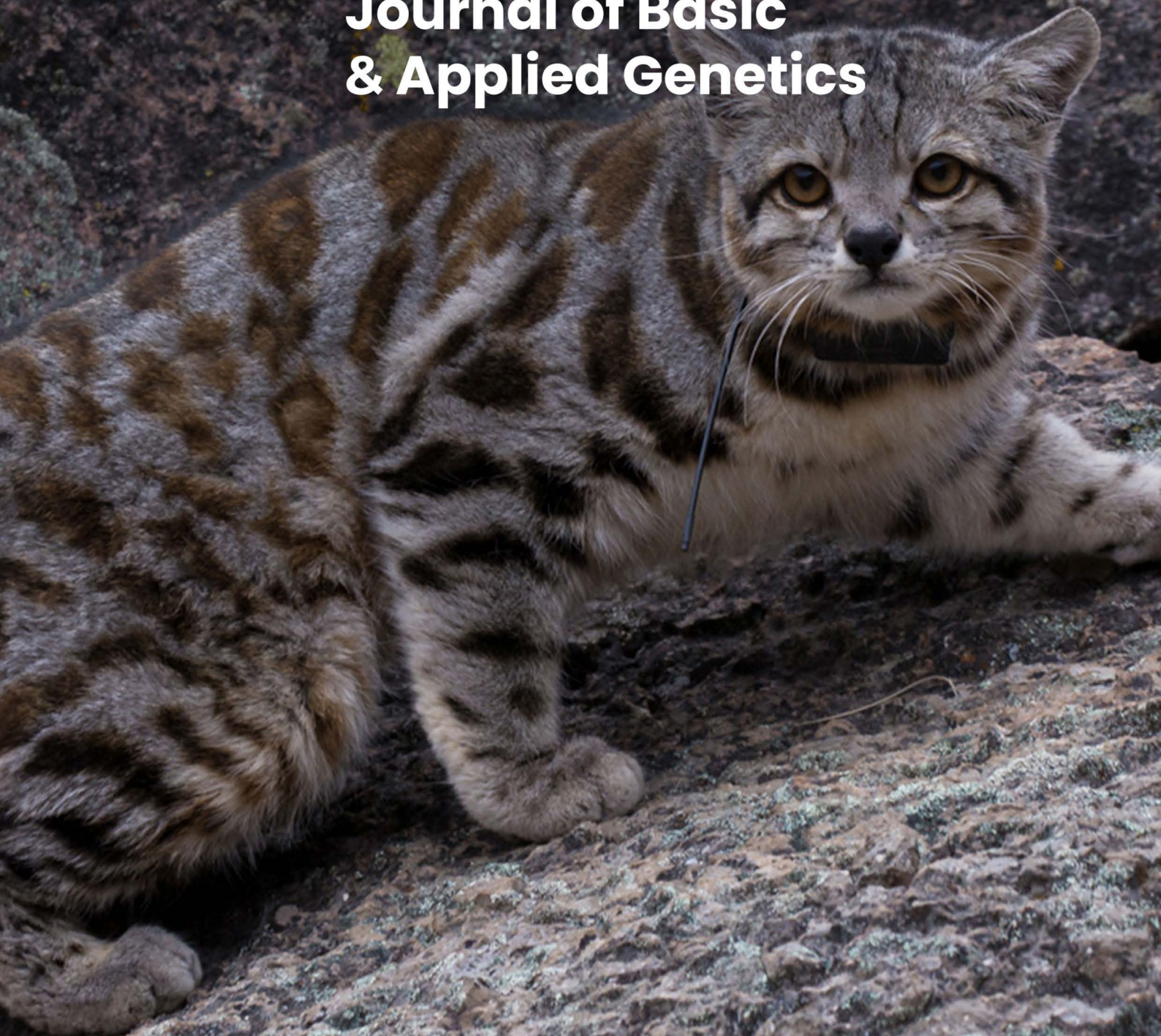
(Formerly MENDELIANA)



July 2019  
Volumen XXX  
No. 1 (suppl.)  
E-ISSN: 1852-6322

# BAG

**Journal of Basic  
& Applied Genetics**



**Journal of the Argentine Society of Genetics**  
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

[www.sag.org.ar/jbag](http://www.sag.org.ar/jbag)  
Buenos Aires, Argentina



**ALAG**  
MENDOZA,  
ARGENTINA **2019**

**La arquitectura  
del genoma:  
su expresión en  
los fenotipos  
y las poblaciones**

**6 AL 9 DE OCTUBRE DE 2019**

**XVII CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA  
XLVII CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA  
LII REUNIÓN ANUAL DE LA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE  
VI CONGRESO DE LA SOCIEDAD URUGUAYA DE GENÉTICA  
V CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA HUMANA  
V SIMPOSIO LATINOAMERICANO DE CITOGENÉTICA Y EVOLUCIÓN**

## Organizadores



**V SLACE**

as the inorganic composition of an organism, its organs, tissues or single cells. Ionomics is the integrated study of an organism's nutrients and trace elements, and consist in multi-element methods that allow us to study the ionome. Our work is focused in understanding which genes control the ionome in model and non-model species, and how we can access plant genetic diversity to improve plant and human nutrition. Three approaches will be showed: 1) How we have been using multiparent inbred lines to identify alleles that determine *Arabidopsis thaliana* ionome natural variation, and how this allowed us to characterize a new rare allele for Zn leaf accumulation; 2) How the leaf and seed ionome vary in the *Oryza* genus, which is composed of 25 species, most of them wild, and how some phenotypes are fixed in some species. We will focus on sodium (Na) accumulating wild rice species which is also salt stress tolerant, and how we are using wild rice introgression lines to transfer the trait into cultivated rice; 3) How we are performing a large-scale rice mutant panel screening for seed ionomics phenotypes, using ~1000 fast-neutron generated lines with high coverage genomic sequence. This approach is allowing for fast identification of causative mutations, as well as providing a good community resource.

---

## CITOGENÉTICA Y EVOLUCIÓN VEGETAL

Coordinadora: Acosta M.C!<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV) CONICET-UNC, Argentina. mcacosta@imbiv.unc.edu.ar

Los análisis cromosómicos simbolizan los primeros aportes de la genética al estudio de la taxonomía en plantas, aunque luego fueron desplazados por el éxito de los datos moleculares para este tipo de estudio. Sin embargo, el complemento cromosómico representa el grado máximo de organización del genoma y es la mayor unidad de mutación hereditaria. El cariotipo posee además la ventaja de no depender de la expresión génica, de las condiciones ambientales, la edad del organismo, la fase de desarrollo, etc., manteniéndose estable a lo largo de la vida del organismo. Una de las más fervientes críticas del estudio de los caracteres cromosómicos es que la evolución cariotípica se infiere muchas veces sin ningún apoyo estadístico y, generalmente, con una comprensión deficiente de los mecanismos subyacentes. Reconstruir la historia evolutiva de un cariotipo es difícil ya que la acumulación de reordenamientos cromosómicos ocultará la identidad exacta, el número y el orden de los eventos que han ocurrido a lo largo de un linaje y dificultará además la reconstrucción de las características ancestrales. Los avances de la citogenética molecular junto con el crecimiento de los análisis genómicos, bioinformáticos y filogenéticos han permitido contextualizar los datos cromosómicos en un contexto evolutivo, proporcionando soporte estadístico y métodos de análisis de datos adecuados. En este simposio se presentarán trabajos en donde los datos cromosómicos son complementados con análisis genómicos, filogenéticos, filogeográficos y/o métodos comparados.

## DATOS MOLECULARES Y CARIOTÍPICOS PLANTEAN POSIBLE ESPECIACIÓN A PARTIR DE DOS ESPECIES SIMPÁTRICAS DE *Capsicum* (*C. recurvatum* Y *C. schottianum*)

Scaladaferro M!<sup>1</sup>, C. Carrizo García!<sup>1</sup>, G. Barboza!<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET-Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. mariselscaladaferro@gmail.com

El estudio de ocho poblaciones naturales de *Capsicum recurvatum* Witas. y *C. schottianum* Sendt. provenientes de la Mata Atlántica Brasileira reveló la existencia de una especie diferente, de dudosa identificación, *C. sp. nov.* Para resolver su determinación, se compararon las moléculas de ADN empleando cuatro marcadores plastidiales (*matK*, *psbA-trnH*, y *trnQ-5' rps16*) y un gen nuclear (*waxy*). Estos datos proporcionaron la identificación de tres grupos genéticos, con evidencia de continuidad en el flujo génico entre los grupos. Además se realizó hibridación *in situ* fluorescente (FISH) utilizando sondas de las secuencias repetidas de los genes ribosómicos 5S y 18S-25S. Estos últimos análisis mostraron variabilidad en número y posición de los sitios 18S-25S dentro y entre las poblaciones, y la presencia de heteromorfismos cromosómicos intrapoblacionales. Los resultados obtenidos a partir de datos moleculares y cariotípicos estarían dando evidencias de un proceso de hibridación o flujo génico entre las especies estudiadas, con la consecuente dificultad de certera identificación morfológica del grupo en formación. El continuo flujo de genes limitaría

la diferenciación, aunque el análisis de las relaciones entre las especies mediante datos genómicos y cromosómicos evidencia la existencia de diversidad interespecífica. El presente estudio ejemplifica el valor del enfoque taxonómico integrador para resolver conflictos en la delimitación de especies.

## AFINIDADES GENÓMICAS ENTRE EL MAÍZ Y LOS TEOSINTES REVELADAS POR CITOGENÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR

González G.E.<sup>1</sup>. IIEGEB-CONICET, Argentina. mamilila@yahoo.com

El análisis conjunto de las homologías citogenómicas reveladas por GISH y por el apareamiento meiótico en especies e híbridos evidenció las relaciones evolutivas intra e interespecíficas del género paleopoliploide *Zea*. Mediante GISH se infirió la alta afinidad genómica del maíz (*Z. mays* ssp. *mays*) con *Z. m.* ssp. *parviglumis* (su antecesor putativo) y con *Z. m.* ssp. *mexicana*, y la baja homología con *Z. m.* ssp. *huehuetenanguensis*. El ADN de *Z. luxurians* mostró alta afinidad al hibridar homogéneamente los cromosomas de maíz, aunque se detectó menor homología al hibridar con el ADN de *Z. diploperennis*. Experimentos de GISH hibridando ADN de *Z. perennis* sobre cromosomas de maíz permitieron inferir la existencia de reestructuraciones cromosómicas entre los genomas parentales ancestrales ocurridas durante los procesos de hibridación y poliploidía que tuvieron lugar en la evolución del maíz y los teosintes. El análisis de las configuraciones meióticas, mediante GISH, en *Z. perennis* x maíz ( $2n=30$ ) permitió postular que el maíz no comparte uno de sus genomas parentales con *Z. perennis*. Estudios recientes de la meiosis de híbridos tratados con colchicina mostraron que la diploidización citológica en el género ocurre por restricción del apareamiento entre cromosomas homeólogos por la presencia de genes *Ph-like* y/o por divergencia genética de cromosomas homeólogos. Por otra parte, se determinó el origen de la variación del tamaño del genoma y su relación con factores ecogeográficos en las razas de maíz nativas del norte de Argentina, las que además se caracterizaron citogenéticamente.

## RECONSTRUCCIÓN FILOGENÉTICA DEL GÉNERO *Tephrocactus* (CACTACEAE) BASADA EN DATOS MOLECULARES, MORFOLÓGICOS Y CITOGENÉTICOS

Las Peñas M.L.<sup>1</sup>. IMBIV, Argentina. laulaspenas@yahoo.com.ar

*Tephrocactus* es un género de Cactaceae perteneciente a la subfamilia Opuntioideae, cuyas especies son, en su mayoría, endémicas de Argentina. Posee matas con ramas laxas, formadas por artejos globosos, frutos secos y semillas con arilo seminal blando arenquimático. La taxonomía del género ha sido inestable y controvertida. En este trabajo presentamos una hipótesis filogenética en base a datos moleculares (*trnK-matK* y *psbA-trnH*) que incluye el total de las especies de *Tephrocactus*, permitiendo evaluar la monofilia del género y discernir su posición dentro de Opuntioideae. Por otra parte, se obtuvieron los recuentos cromosómicos, cantidad de heterocromatina, genes de ADNr y contenido de ADN, de todas las especies. El número cromosómico en las especies del género es variable con  $2n=22, 44, 77, 88, 242, 319$ . El contenido de ADN 2C mostró una correlación significativa y positiva con el nivel de ploidía y el número de genes de ADNr. En base al conjunto de nuevas evidencias moleculares, morfológicas y citogenéticas se proponen tendencias evolutivas de caracteres citogenéticos y morfológicos. Los caracteres más informativos para reconstruir la historia evolutiva del género son: número cromosómico, contenido de ADN, número de sitios ADNr, arbustos con articulaciones, hojas caducas, color de los tépalos, frutos secos y semillas con arilo seminal blando. La diversificación del género se asocia con tres eventos de poliploidía, lo que podría estar asociada a la reproducción vegetativa que permite en las especies mantener altos niveles de ploidía  $2x=22$  y  $29$ .

## PARIENTES SILVESTRES DE LA PAPA: HERRAMIENTAS CITOGENÉTICAS Y GENÓMICAS PARA EVALUAR HOMOLOGÍA CROMOSÓMICA Y COLINEALIDAD

Gaiero P.<sup>1</sup>, F. Vilaró<sup>2</sup>, E. Schranz<sup>3</sup>, H. De Jong<sup>3</sup>, P. Speranza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de la República; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Uruguay; <sup>3</sup>Wageningen University and Research, Holanda. pgaiero@fagro.edu.uy

En este trabajo se presentan las características citogenéticas y genómicas de *Solanum commersonii* y *S. chacoense*, parientes silvestres de la papa cultivada usados en mejoramiento por hibridación introgresiva.