



JORNADAS EXACTAS Y EL AGRO

**Aportes
a la actividad
agropecuaria
y agroindustrial**

**31 de Octubre
y 1 de Noviembre | 2019**

Facultad de Ciencias Exactas
y Naturales | **UBA**

P16. Abundancia diferencial de secuencias repetitivas en maíces nativos de Argentina: estudios citogenéticos y genómicos.

María Florencia Realini^{1*}, David Ezequiel Kachanovsky¹, Lidia Poggio¹, María del Pilar Plastine¹, Graciela E. González¹.

¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, floreal@ege.fcen.uba.ar

El norte de la Argentina (NA) es una de las zonas más australes de cultivo de razas nativas de maíz. La importancia de las razas como fuente de variabilidad genética ha sido señalada por numerosos estudios taxonómicos, citogenéticos y agronómicos. En líneas y razas argentinas el tamaño del genoma oscila entre 4,4pg y 6,9pg. Esta variación ha sido atribuida principalmente a la abundancia diferencial de secuencias repetitivas knobs, ribosomales y centroméricas, sin descartar variaciones en otras secuencias dispersas. En maíces del NA ensayos de Hibridación In Situ Fluorescente-FISH con sondas knobs permitieron observar patrones de hibridación característicos y diferenciales en cada raza. En maíces del NOA se demostró que las diferencias en el contenido de ADN también se deben a la presencia de cromosomas accesorios o cromosomas B. En razas guaraníes del NEA la abundancia de heterocromatina knob mostró una relación positiva con la longitud del ciclo vegetativo, postulándose un efecto adaptativo de la heterocromatina. Aquí presentamos un avance en nuestra línea de investigación que tiene como objetivo analizar el grado de diferenciación cariotípica y genómica que presentan las razas del NA en cuanto al tamaño del genoma y a los componentes de ADN repetitivo. Para ello, además de emplear citometría de flujo y FISH, se incorporaron datos de secuenciación genómica total de baja cobertura en 9 accesiones de razas del NA y la línea B73 para cuantificar el número de copias y la representación genómica de las secuencias knobs, centroméricas y ribosomales. Se proyecta estudiar si la variabilidad cariotípica observada se encuentra relacionada con variaciones fenotípicas de importancia agronómica. Estos resultados incorporarán información nueva aplicable al mejoramiento tradicional del maíz.