

RESÚMENES POR ÁREA TEMÁTICA:

Biología General, Celular y Molecular (BM)

BM01- CONSIDERACIONES TAXONÓMICAS, CITOGÉNÉTICAS Y MOLECULARES EN *Argyrochosma flava* (CHEILANTHOIDEAE)

Andrada AR¹, Páez V de los A¹, Silenzi-Usandivaras GM¹, Ponce MM²

¹Fundación Miguel Lillo. Miguel Lillo 251, 4000. San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina. ²Instituto de Botánica Darwinion, Labardén 200, B1642HYD, San Isidro, Buenos Aires.

El género *Argyrochosma* (J. Sm.) Windham (Cheilanthoideae, Pteridaceae) es Neotropical y se define en base a caracteres anatómicos, citológicos y palinológicos que circunscriben un taxón natural. Las sinapomorfias consisten en la distribución de los esporangios, morfología de las esporas y número cromosómico ($x=27$). La reconstrucción de la evolución de las especies de *Argyrochosma* en este último tiempo, determinó que las farinas son un carácter derivado y la harina amarilla es una sinapomorfia de *A. flava*. Esta especie era considerada una variedad de *A. nivea*, sin embargo, estudios filogenéticos recientes muestran que la variedad *flava* es la única monofilética. Este trabajo tiene como objetivos realizar recuentos cromosómicos y elaborar el cariotipo de *A. flava*; además, se llevaron a cabo análisis filogenéticos moleculares en el género introduciendo secuencias de diferentes poblaciones del ex-complejo *Argyrochosma nivea* (var. *flava*, var. *tenera*, var. *nivea*) provenientes de Argentina, a fin de corroborar la actual ubicación taxonómica de *A. flava*. Se recolectaron circinos de poblaciones naturales del noroeste argentino, en localidades de las provincias de Tucumán y Salta. Se sometió el material a técnicas citogenéticas clásicas. Se utilizó el marcador *rbcL* para los análisis moleculares y se obtuvieron árboles filogenéticos a partir de análisis de máxima parsimonia (MP) y máximo likelihood (ML). Los resultados ponen en evidencia que *A. flava* tiene $2n = 2x = 54$, longitudes cromosómicas que varían entre 2.40 y 5.04 μm . La fórmula cariotípica registrada fue $1m + 8sm + 18st$. El complemento cromosómico haploide tuvo valores cercanos a 100 μm . Asimismo, la introducción de secuencias *rbcL* del ex-complejo *A. nivea* provenientes de Argentina no modificaron la topología de los árboles filogenéticos previos, corroborando la monofilia de *A. flava* con valores de bootstrap de 100% y 70% en los análisis de MP y ML, respectivamente. *A. flava* es un helecho diploide y su número cromosómico se cita por primera vez para la especie. A pesar de que *A. flava* era considerada una variedad de *A. nivea*, su recuento de $2n = 2x = 54$ no se corresponden con el del triploide *A. nivea* var. *tenera* ($n = 3x = 81$). La longitud del complemento cromosómico obtenido concuerda con la de otros helechos diploides. Su fórmula cariotípica indica que hay una gran variabilidad en los complementos cromosómicos entre los diferentes géneros de helechos. Los recuentos cromosómicos y los análisis moleculares corroboraron la ubicación de *A. flava* como una especie separada. Futuros estudios citogenéticos que impliquen la caracterización de cariotipos, como apoyo a los estudios moleculares, contribuirán a nuestro conocimiento de las relaciones filogenéticas de los helechos y nos permitirá comprender la evolución en sus diferentes niveles taxonómicos.

BM02- GEN *pqqE*: POTENCIAL MARCADOR DE LAS POBLACIONES BACTERIANAS SOLUBILIZADORAS DE FOSFATO

Anzuay M.S., Intelangelo A.B., Ludueña L.M., Dalmasso R., Angelini J.G., Taurian T.
Universidad Nacional de Río Cuarto; e-mail: manzuay@exa.unrc.edu.ar

El principal mecanismo por el cual las bacterias solubilizadoras de fosfato (BSP) dejan disponible el P insoluble inorgánico es mediante la liberación de ácido glucónico (AG). Este mecanismo ha sido descrito en bacterias Gram negativas las cuales producen AG a través de una oxidación de glucosa no fosforilativa por acción de la enzima glucosa deshidrogenasa (GDH) y el cofactor proteico PQQ. La biosíntesis de PQQ involucra un operón que consiste de al menos 5 genes (*pqqABCDE*). El cofactor PQQ ha sido estudiado en diversos géneros de bacterias gram negativas y su función en esta vía oxidativa es esencial para el fenotipo solubilizador de fosfato. Así, con el fin establecer una asociación entre la capacidad solubilizadora de fosfato (CSP) y la presencia del gen *pqqE*, se analizó mediante PCR la existencia de producto de amplificación del mencionado gen en 34 bacterias pertenecientes a los géneros: *Serratia*, *Enterobacter*, *Acinetobacter*, *Pantoea*, *Klebsiella*, *Bradyrhizobium*, *Azospirillum*, *Sinorhizobium*, *Achromobacter*, *Xanthomonas*, *Micrococcus* y *Pseudomonas*. Inicialmente se determinó su CSP *in vitro* en medio sólido NBRIP-BPB (National Botanical Research Institute's phosphate) que contiene fosfato tricálcico ($\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$) como única fuente de P. Posteriormente se realizaron amplificaciones de fragmentos del gen *pqqE* en el ADN de las bacterias empleando dos pares de cebadores: un par de cebadores degenerados, *pqqEF*-317/ *pqqER*- 1019, que amplifican un producto de ~700 pb diseñados en el laboratorio a partir del alineamiento de secuencias obtenidas en el banco de genes NCBI de bacterias pertenecientes a los géneros: *Pantoea*, *Enterobacter*, *Kluyvera*, *Rahnella*, *Klebsiella* y *Serratia* y un par de cebadores específicos para *Pseudomonas*, que amplifican un producto de ~ 380 pb del gen *pqqE*: *pqqEPS1* / *pqqEPS2*- diseñados a partir del alineamiento de secuencias de *Pseudomonas* obtenidas en NCBI pertenecientes a diferentes especies: *Ps.fluorescens*, *Ps. umsongensis*, *Ps.mandelii*, *Ps.thivervalensis*, *Ps.monteilii*, *Ps.putida*, *Ps.kilonensis*, *Ps.koreensis*, *Ps.brassicacearum* y *Ps.lini*. Los resultados obtenidos indicaron que todas las bacterias que mostraron CSP mostraron producto de amplificación con el primer par de cebadores. Los resultados de estos ensayos sugieren que el empleo de los cebadores degenerados sería de gran utilidad para detectar la presencia del gen *pqqE* en una amplia variedad de géneros bacterianos gram negativos con CSP. Por su parte, el empleo de los cebadores para *Pseudomonas* presentó una gran selectividad para detectar la presencia del mencionado gen en BSP pertenecientes a este género. A partir de los resultados obtenidos es posible concluir que el gen *pqqE* sería un potencial marcador molecular de bacterias solubilizadoras de fosfato Gram negativas.