



Sociedad de
Botánica de Chile

   @SOCIEDAD_BOTANICA_CHILE

XXXIII Reunión anual SOCIEDAD DE BOTÁNICA

3, 4 Y 5 DE NOVIEMBRE 2022

"Biodiversidad, conservación y sociedad"

Más información:
WWW.SOCBOTANICA.CL

Putendo
Región de Valparaíso

LIBRO DE RESÚMENES

Análisis comparativo del genoma cloroplastidial y del cistrón nuclear ribosomal sugiere precaución en el uso de marcadores moleculares con utilidad taxonómica en *Alstroemeria* (Alstroemeriaceae)

Toro-Núñez, O1, Carrasco-Muñoz, P1, Nascimento J2, Sader M3, Pedrosa-Harand A2, Baeza CM1 & Ruiz-Ponce E1 1Laboratorio de Biosistemática y Taxonomía Vegetal, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Chile, 2Laboratorio de Citogenética y Evolución de Plantas, Departamento de Botánica, Universidad Federal de Pernambuco, Recife, Brasil, 3Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

E-mail: oftoro@gmail.com; otoro@udec.cl

Diversos estudios han intentado retratar relaciones filogenéticas en el género *Alstroemeria* (Alstroemeriaceae), basados principalmente en el uso de marcadores hipervariables nucleares (espaciador interno transcrito o ITS) y cloroplastidiales (espaciadores e intrones). Las señales detectadas en los análisis de estos marcadores, aunque son capaces de retratar patrones de diversificación en general, tienden a ofrecer una limitada resolución de relaciones interespecíficas debido a dos razones: la falta de escrutinio de marcadores hipervariables informativos y a la carencia de información de congruencia en procesos de evolución molecular. Mediante el uso de secuenciación masiva, el presente trabajo apuntó a comparar los patrones de variación del plastoma y cistrón nuclear ribosomal de seis especies chilenas (*A. exserens*, *A. hookeri* subsp. *hookeri*, *A. ligtu* subsp. *ligtu*, *A. philippi*, *A. pulchra* subsp. *pulchra* y *A. violacea*) y tres brasileñas-argentinas (*A. isabellana*, *A. monticola* y *A. psittacina*). Los resultados soportan la existencia de señal filogenética coherente a lo largo de la mayoría del ADN cloroplastidial, lo que potenciaría el diseño de barcodes taxonómicos-moleculares. Los análisis en este set de datos confirman a los linajes del norte de Chile como basales del género, mostrando una afinidad importante con los plastomas de *Bomarea*. En el caso del cistrón nuclear ribosomal, la aparición de sitios de recombinación, copias parálogas y ausencia de fragmentos del ITS2, explicarían altos niveles de homoplasia observados, implicando el cese del uso de este marcador con fines taxonómicos y filogenéticos. Alternativamente, se sugiere privilegiar la búsqueda de otros marcadores dentro del genoma nuclear.

*Agradecimientos a FONDECYT de Iniciación 11220556, Inserción en la Academia PAI 77190055. CONICET (Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas), Argentina. FACEPE, IBPG-1513-2.03/18, PROPESQI/UFPE y CAPES Financial Code 001, Brasil.