

# SECUENCIAS REPETIDAS DE ADN, CROMOSOMAS Y EVOLUCIÓN

Coordinadora: Pedrosa-Harand A.<sup>1</sup>, M. Vaio<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Citogenética e Evolução Vegetal, Departamento de Botânica, Universidade Federal of Pernambuco, Recife-PE, Brasil; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

[andrea.harand@ufpe.br](mailto:andrea.harand@ufpe.br)

Las secuencias repetidas de DNA comprenden una fracción significativa del genoma de los eucariotas pudiendo llegar hasta un 80% del mismo. Estas secuencias están implicadas en la organización del genoma y tienen impacto significativo en su evolución. Con el advenimiento de la secuenciación de nueva generación, disminución del costo y nuevas herramientas bioinformáticas es posible conocer la totalidad del componente repetido del genoma (repetoma) de cualquier organismo, inclusive de aquellos que no son modelo de estudio. Esto ha permitido un avance significativo en el conocimiento que se tiene sobre este tipo de secuencias de ADN y sus implicaciones en la recombinación cromosómica, condensación de la cromatina centromérica, rearrreglos cromosómicos, evolución cariotípica, interacción con proteínas, regulación de la expresión génica y aparición de nuevas variantes fenotípicas, entre otras. Además, se ha permitido discutir en más detalles la evolución molecular de estas secuencias y su organización en los cromosomas. Por lo tanto, pasaron de ser la materia oscura del genoma a ser uno de los componentes principales del mismo, despertando más interés para su estudio. Durante el simposio se presentarán resultados de estudios del genoma de diferentes organismos de plantas y animales en los que se mostrará la importancia de las mismas en la evolución cromosómica (incluyendo los cromosomas sexuales y cromosomas B) y su dinámica en especies poliploides de plantas.

---

## AS DIFERENTES FACES DO PCP190 - UM DNA SATÉLITE DERIVADO DE DNAR 5S E AMPLAMENTE DISTRIBUÍDO EM ANUROS

Lourenço L.B.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unicamp, Campinas-SP, Brasil.

[bolsoni@unicamp.br](mailto:bolsoni@unicamp.br)

Grande variação cariotípica é encontrada dentre os anuros, mas o reconhecimento de homologias cromossômicas interespecíficas é ainda um grande desafio para a inferência de mecanismos envolvidos na evolução cromossômica nesse grupo. O estudo de sequências repetitivas tem auxiliado nesse contexto, como exemplificado pela análise do DNA satélite PcP190. Originado do DNA ribossomal 5S (DNAr 5S), o PcP190 encontra-se amplamente distribuído em anuros. A análise conjunta de várias espécies mostrou que a unidade repetitiva de PcP190 é composta por uma região conservada e uma região altamente variável tanto em tamanho quanto em sequência nucleotídica. A região mais conservada corresponde à região transcritora de DNAr 5S, o que sugere a ocorrência de recombinação

entre o DNA satélite PcP190 e sequências de DNAr 5S portadoras de diferentes tipos de NTS. A descoberta de um fragmento de PcP190 justaposto a um de DNAr 5S corrobora essa hipótese. Em algumas espécies, como em *Physalaemus* spp., o DNA satélite PcP190 forma clusters na região pericentromérica de vários cromossomos e apresenta grande homogeneidade nucleotídica. Por outro lado, em outros gêneros, como em *Pseudis*, diferentes classes de sequências PcP190 estão presentes, distintas principalmente pela região hipervariável, e clusters de PcP190 estão restritos a cromossomos sexuais. O mapeamento cromossômico de PcP190 em sete espécies de *Pseudis* permitiu a inferência de inversões cromossômicas e de eventos de amplificação de heterocromatina envolvidos na evolução dos cromossomos sexuais nesses anuros.

---

## **SATELLITE DNAs ILLUMINATE ORIGIN AND EVOLUTION OF SEX AND B CHROMOSOMES IN GRASSHOPPERS**

Cabral-de-Mello D.C.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Department of Biology, Institute of Biosciences, Sao Paulo State University (UNESP), Rio Claro, SP, Brazil.

[mellodc@rc.unesp.br](mailto:mellodc@rc.unesp.br)

Satellite DNA (satDNA) comprises one of the most abundant and dynamic sequences in eukaryote genomes. They are arranged in tandem forming long arrays, mainly placed on heterochromatic regions, including centromeres and telomeres. Grasshoppers are known because of their large genomes plenty of repetitive DNAs that could be involved in the evolution of their karyotypes. Here the combination of molecular cytogenetic and bioinformatic analysis allowed addressing the putative role of satDNAs in origin and evolution of the neo-sex chromosomes of *Ronderosia bergii* and the B chromosome of *Abracris flavolineata*. In *R. bergii* a total of 54 satDNAs were found, comprising 2.77% (male) and 2.44% (female) of genomes. Chromosomal mapping revealed 13 satDNAs enriched on neo-Y, evidencing three variants that emerged from paracentric inversions of interstitial region of large arm. In *A. flavolineata* it was observed 53 satDNAs, which represents about 5.6% of 0B and +B genomes, suggesting low accumulation of satDNAs in the B chromosome. Mapping on chromosomes showed 11 satDNA families on the B chromosome, primarily located close to centromeric and distal regions. Afsat46 family was located on B chromosome and in the autosome pair 1, supporting ancestry for B chromosome. Unpredicted high occurrence of paracentric inversions in the neo-Y and uncommon low accumulation of satDNAs in a B chromosome was revealed. The data highlights the use of satDNAs as markers to track the composition, origin and evolution of sex and B chromosomes among grasshoppers.

---

# **ALOPOLIPOIDÍA Y DIVERGENCIA DE SECUENCIAS REPETIDAS DE ADN EN ESPECIES DEL GÉNERO *Paspalum* (GRAMINEAE)**

Vaio M.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.

[mvaio@fagro.edu.uy](mailto:mvaio@fagro.edu.uy)

En Angiospermas, la poliploidía ha sido el principal mecanismo de especiación, y está relacionada a su divergencia y biodiversidad. Se denomina diploidización, a la respuesta del genoma post-poliplidización, cuyo objetivo es restablecer la compatibilidad entre genomas y una herencia disómica. Durante este proceso, ocurren cambios a distintos niveles incluyendo pérdida de secuencias repetidas y activación de elementos transponibles. El grupo Dilatata de *Paspalum* nativo de SudAmérica es de origen alopoliploide. Dentro del grupo hay cinco *taxa* sexuales alotetraploides ( $x=10$ ) que son un excelente modelo para estudios de diploidización. Este grupo tiene fórmula genómica IIJJ, es monofilético y tendría un origen único. Las especies *P. juergensii* (JJ) y *P. intermedium* (II) fueron sugeridas como dadoras de los genomios. Si bien son putativas, la información citogenética y molecular las señalan como las más cercanas. El tamaño del genoma de los tetraploides presenta diferencias que corresponden a una disminución entre 10 a 15%. En otros poliploides esto ha sido relacionado con dinámicas de secuencias repetidas. Las nuevas técnicas de secuenciación y bioinformáticas permiten estudiar la fracción repetida de especies nativas. Estas herramientas fueron utilizadas en los alotetraploides de Dilatata y otras especies para determinar el grado de divergencia de esta fracción. Durante la presentación se discutirá como afectaron los procesos de diploidización a los biotipos sexuales de *Paspalum* a nivel de secuencias repetidas, y cuáles son las responsables de la diferenciación de sus genomas.

---

# **COMPOSICIÓN DE LAS REGIONES DE HETERO Cromatina EN LOS DIFERENTES GENOMAS DE LA SECCIÓN ARACHIS (GÉNERO *Arachis*, LEGUMINOSAE)**

Samoluk S.S.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IBONE, Argentina.

[samocarp31@gmail.com](mailto:samocarp31@gmail.com)

Las secuencias de ADN satélite (ADNsat) constituyen uno de los mayores componentes de las regiones de heterocromatina de los genomas eucariotas y, usualmente, muestran una elevada dinámica evolutiva, aún entre especies estrechamente relacionadas. La sección *Arachis* (género *Arachis*) está compuesta por especies pertenecientes a seis genomas diferentes (A, B, D, F, G y K). Las características más distintivas entre estos genomas son la cantidad y distribución de la heterocromatina de los cariotipos. En este trabajo se revisan

y discuten los diferentes estudios que han contribuido a caracterizar las diferentes familias de ADNsat que componen la heterocromatina de los genomas incluidos en la sección *Arachis*. Los resultados obtenidos hasta el momento sugieren que los diferentes genomas comparten un mismo repertorio de familias de ADNsat. Sin embargo, cambios a nivel de secuencia y en el número de copias de este set de secuencias habrían generado perfiles específicos en las diferentes especies. De este modo, la evolución de los diferentes patrones de heterocromatina observados en *Arachis* pueden ser explicados, al menos en parte, por la representación diferencial de las diferentes especies de secuencias de ADNsat entre las diferentes especies, y aún entre los diferentes cromosomas de un mismo complemento, contribuyendo así a la diferenciación genómica y cariotípica.

---