VIII Seminario de Citogenética

Alcalá de Henares

2014

Ilustración de la portada: Sonia López Martínez

Organizado por:

Sociedad Española de Genética

Con la Colaboración de:

Universidad de Alcalá

Asociación Amigos de la UAH

Comité Organizador

Ángeles Cuadrado
Consuelo Martínez
Nicolás Jouve

Ángeles Bernardo
Alejandro Carmona
Alfredo de Bustos
Esther Ferrer
Eva Friero
Araceli Fominaya
Juan Manuel González
Yolanda Loarce

PROGRAMA

Martes, 24 de junio, tarde

16:00 Inscripción y entrega de documentación
Sala de Conferencias, Colegio Mayor de San Ildefonso. Plaza de San Diego, s/n.

18:00 Inauguración en el Paraninfo de la Universidad de Alcalá
Colegio Mayor de San Ildefonso. Plaza de San Diego, s/n.
Palabras de Bienvenida: **Dr. Nicolás Jouve**

18:30 Conferencia Inaugural
Dra. María Jesús Puertas (Univ. Complutense, Madrid)
Los indispensables cromosomas B

20:30 Cena de Bienvenida
Parador de Alcalá de Henares. Calle Colegios, 8.

Miércoles, 25 de junio, mañana

Sala de Conferencias, Colegio Mayor de San Ildefonso. Plaza de San Diego, s/n.

Primera Sesión **Moderador: Juan Alberto Marchal**

09:30 J Cebrián, E Monturus de Carandini, ML Martínez-Robles, P Hernández, DB Krimer, JB Schvartzman
Las topoisomerasas son prescindibles para la replicación y segregación de los cromosomas artificiales de levadura (YAC)

09:50 M Arroyo, I Guerrero, I Romero-Fernández, A Cañuelo, A Sánchez, M Trimborn, JA Marchal
Chromosome condensation: novel insights from human neurogenesis

10:10 T Naranjo
Dinámica de telómeros de cromosomas de centeno añadidos a trigo en meiosis temprana

10:30 L Grandont, N Cuñado, O Coriton, V Huteau, F Eber, AM Chèvre, M Grelon, L Chelysheva, E Jenczewski
Synapsis and meiotic recombination in *Brassica napus* euploids and allohaploids

10:50 L Capilla, A Ruiz-Herrera
Meiotic recombination and its implications for the mammalian genomic architecture

11:15 Café

Segunda Sesión **Moderador: Pepe Bella**

12:00 R Toribio, P Martínez-Rodríguez, L Funkhouser-Jones, S Sehnert, SR Bordenstein, JL Bella, M Pita
Localización cromosómica de secuencias de *Wolbachia* integradas en el genoma de *Chorthippus parallelus*

12:20 C Dapena, A Cuadrado, I Bravo, RI Figueroa
Combining cytogenetics and flow cytometry to the study of the marine dinoflagellate life cycle

12:40 D García, JJ Pasantes
Citogenética de Digeneos: Primeras Aproximaciones

13:00 S Portela-Bens, MA Merlo, ME Rodríguez, I Cross, L Rebordinos
Integración de datos citogenéticos y NGS para el conocimiento del genoma del lenguado senegalés como especie para la diversificación de la acuicultura

13:20 I Cross, S Portela-Bens, MA Merlo, ME Rodríguez, L Rebordinos
Uso de FISH-BAC y NGS en la elaboración de mapas genéticos en las ostras *Crassostrea angulata* y *C. gigas*

14:00 Almuerzo

Miércoles, 25 de junio, tarde
Sala de Conferencias, Colegio Mayor de San Ildefonso. Plaza de San Diego, s/n.

Tercera Sesión **Moderador: Juan Pedro Camacho**

15:40 P Mora, J Vela, MI Torres, T Palomeque, P Lorite
Estudio citogenético y caracterización de una familia de ADN satélite en la especie *Henosepilachna argus* (Coleoptera, Coccinellidae)

16:00 I Romero-Fernández, C Casas-Delucchi, M Arroyo, MC Cardoso, JA Marchal, A Sanchez
Heterochromatic blocks of giant sex chromosomes: epigenetic modifications and replication pattern

16:20 J Vela, P Mora, O Sanllorente, S Pita, F Panzera, T Palomeque, P Lorite
Aplicación de la genómica en el estudio de elementos transponibles y ADN satélite en el genoma de las hormigas

16:40 B Navarro-Domínguez, J Cabrero, M Bakkali, M Pellino, JM Corral, MD López-León, TF Sharbel, JPM Camacho
Cambios en expresión génica asociados a la presencia de cromosomas B en el saltamontes *Eyprepocnemis plorans*

17:00 FJ Ruiz-Ruano, M Ruiz-Estevez, R Martín-Blázquez, EE Montiel, DC Cabral-de-Mello, P Lorite, JA Marchal, A Sánchez, A Cuadrado, M Bakkali, F Perfectti, MD López-León, J Cabrero, JPM Camacho
La genómica al rescate de la citogenética

18:15 Actividad Complementaria
Visita Turística a Alcalá de Henares

Jueves, 26 de junio, mañana

Sala de Grados, Colegio de Málaga. Calle Colegios, 2

Cuarta Sesión **Moderador: Juan Manuel Vega**

09:30 A Carmona, A de Bustos, N Jouve, A Cuadrado
Evolución cariotípica en *Hordeum*

09:50 MD Rey, MC Calderón, P Prieto
Obtención de líneas de interés entre *Hordeum chilense* y trigo harinero en el fondo genético del mutante ph1

10:10 MG Mattera, SG Atienza, A Cabrera
Desarrollo y caracterización de líneas de introgresión del cromosoma $7H^{ch}$ de *Hordeum chilense* en trigo y estudio de su efecto en el contenido de pigmentos carotenoides en grano.

10:30 A Fominaya, Y Loarce, V del Río, A Montes, C Coscolín, E Ferrer
Una combinación de técnicas citogenéticas y moleculares para la búsqueda de marcadores específicos de cromosoma

10:50 A Gonzalo, M González-García, D Gómez-Revilla, M Cuacos, R Sainz, F Gómez-Aldecoa, J Narbona, M Díez, JM Vega
Análisis estructural y funcional de centrómeros truncados en cromosomas telocéntricos de trigo

11:10 D Gómez-Revilla, M González-García, M Cuacos, A Gonzalo, F Gómez-Aldecoa, J Narbona, R Sainz, S Klemme, AM Banaei-Moghaddam, A Houben, M Díez, JM Vega
El cromosoma B de centeno tiene secuencias centrómericas fuera de la región centromérica funcional

11:30 Café

12:15 Conferencia de Clausura
Dr. Marcelo Guerra (Univ. Federal de Pernambuco, Brasil)
Non-random distribution of 5S and 45S rDNA sites in plant chromosomes

13:20 Reunión de la Sección de Citogenética de la SEG

13:45 Almuerzo y despedida

RESUMENES

Los indispensables cromosomas B

María Jesús Puertas
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid

correspondencia: majetas@bio.ucm.es

La definición de los cromosomas B incluye el calificativo de "dispensables" porque no son necesarios para el correcto desarrollo de los individuos en las especies en que se encuentran. Sin embargo, las investigaciones llevadas a cabo con los Bs, lejos de ser accesorias, han sido indispensables para comprender características importantes de la estructura y evolución de los genomas. Los Bs han contribuido a conformar la característica mentalidad abierta e integradora de la citogenética, que abarca conceptos esenciales relacionados con la estructura y el comportamiento cromosómico, la variabilidad, la herencia y, en suma, con la base genética de la evolución.

Los Bs mostraron desde su descubrimiento que los cariotipos de los individuos de una misma especie pueden ser variables. A lo largo de los años se ha incrementado la descripción de especies portadoras de Bs en todos los *phyla* eucarióticos, lo que muestra que no son una exótica curiosidad de la naturaleza, sino que manifiestan una faceta de la variabilidad cromosómica inherente a la evolución cariotípica.

La herencia de los Bs se escapa de las reglas mendelianas. Es tan peculiar que, a pesar de que los portadores de un número elevado de Bs a menudo sufren un descenso en su eficacia biológica, en cada tipo de B ha evolucionado un mecanismo que burla la selección natural para mantener el polimorfismo a lo largo de las generaciones. En las especies mejor estudiadas se ha llegado a conocer hasta qué punto los Bs de cada especie han transitado intrincados vericuetos evolutivos para acumular unas secuencias de ADN y unos mecanismos de herencia sorprendentes.

Tanto para el estudio de sus efectos como para su análisis molecular, se aprovecha la ventaja de que en una misma especie existen individuos con y sin Bs que se pueden comparar entre sí. Esto ha propiciado el aislamiento de secuencias de ADN específicas de Bs y estudios comparativos sobre la eficacia biológica. Gracias a esto, por ejemplo, el ADN de los Bs resiste incólume la definición de ADN egoísta o parasítico.

Los datos apuntan a que los Bs se originan por una hibridación interespecífica, aunque las peculiaridades de cada B pueden ser únicas en la historia de la evolución cariotípica de la especie que lo contiene. Ahora bien, parece lógico suponer la existencia de una propiedad general inherente a la estructura centromérica, que permita pasar de un cariotipo aneuploide casi letal en el origen, al establecimiento de un polimorfismo aproximadamente estable. En las especies mejor estudiadas, el análisis molecular demuestra que los Bs son un muestrario de secuencias nucleares y de orgánulos, junto con secuencias exclusivas de los Bs. Muchas de las secuencias situadas en los Bs se transcriben, aunque todavía sólo podemos hacer hipótesis acerca de a dónde van y qué es lo que hacen esos transcritos.

Las topoisomerasas son prescindibles para la replicación y segregación de los cromosomas artificiales de levadura (YAC)

Cebrián J[+], Monturus de Carandini E[+], Martínez-Robles ML, Hernández P, Krimer DB and Schvartzman JB. [+]Ambos autores contribuyeron por igual a este trabajo

Departamento de Biología Celular y Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas (CSIC), Ramiro de Maeztu 9, 28040, Madrid, España.

correspondencia: jcebrian@cib.csic.es

Las topoisomerasas son las enzimas que regulan la topología del ADN en todas las células vivas. Estas enzimas desempeñan papeles críticos en la transcripción, replicación y recombinación, así como durante la condensación y segregación de las cromátidas hermanas en la división celular.

Utilizamos la electroforesis bidimensional en geles de agarosa con el fin de estudiar la iniciación, progresión y terminación de la replicación de minicromosomas circulares y lineales de *Saccharomyces cerevisiae* en presencia y ausencia de topoisomerasas. Los resultados obtenidos indican que los YAC lineales fueron capaces de replicar y segregar independientemente de las topoisomerasas en comparación con los minicromosomas circulares, donde las cromátidas hermanas encadenadas se acumulaban en ausencia de la topoisomerasa 2. Además, los patrones de intermediarios de replicación de ambos minicromosomas mostraron diferencias significativas que sugieren que el superenrollamiento del ADN podría desempeñar un papel clave en la modulación de la progresión de las horquillas de replicación. Así, la iniciación de la replicación en cromosomas circulares se produce siempre en el ARS mientras que en cromosomas lineales los telómeros pueden actuar como orígenes de replicación espontáneos. Además, en el caso de los minicromosomas circulares, la secuencia centromérica afecta al avance de las horquillas de replicación, ralentizando o deteniendo la replicación.

Los datos sugieren que en el caso de los cromosomas lineales, la tensión torsional generada por la transcripción y la replicación se disipa libremente a través de los telómeros.

Chromosome condensation: novel insights from human neurogenesis

Arroyo M, Guerrero I, Romero-Fernández I, Cañuelo A, Sánchez A, Trimborn M (1), Marchal JA

Departamento Biología Experimental, Universidad de Jaén, Paraje Las Lagunillas s/n E-23071, Jaén
(1) Institute of Medical Genetics and Human Genetics, Charite Virchow-Klinikum Hospital, Berlin, Germany
correspondencia: jamaor@ujaen.es

Accurate chromosome condensation and faithful chromosome segregation are crucial factors to the maintenance of a stable genome. The mechanics of condensation and segregation are at the heart of every cell division but a full picture of the process is still elusive. A key goal is to define novel factors that organize the DNA molecules within chromosomes. One of these factors was accidentally discovered during genetic screening of patients affected by a rare congenital disorder namely primary microcephaly (MCPH). MCPH patients show a dramatic reduction of the brain size, affecting mainly the cerebral cortex, reduced body growth and mental retardation. Mutations in MCPH1, one of the genes involved in this syndrome, induce DNA to condense prematurely during mitosis in all cell types. This is the first syndrome described in humans based in alterations of cell cycle affecting chromatin compaction, and accordingly represents a good model for investigations in chromosome biology. Here we present several results about an interesting and less studied feature of MCPH1 patient cells. In particular, detailed analyses of cytogenetic preparations from patient cells reveal alterations in the structure and cohesion of metaphase chromosomes. Furthermore, those alterations are also extended in HeLa and U2OS cells with temporal silencing of MCPH1 function by siRNAs. Functional analyses in these cell lines suggest that MCPH1 regulates the function of other key genes involved in the process of chromosome condensation as condensine I, II and Topoisomerase II. These results point to MCPH1 as a novel regulator within the molecular pathways leading to the formation of the metaphase chromosome.

Dinámica de telómeros de cromosomas de centeno añadidos a trigo en meiosis temprana

Naranjo T

Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid
correspondencia: toranjo@bio.ucm.es

La migración del telómero del brazo corto del cromosoma 5R de centeno durante la formación del bouquet depende de la configuración que este cromosoma adopta en su forma intacta, como cromosoma submetacéntrico, o truncada, como cromosoma metacéntrico. Para averiguar si la migración telomérica durante la formación del bouquet es dependiente de la configuración de cada cromosoma de centeno, se ha analizado el comportamiento de los telómeros de otros dos cromosomas, 1R y 6R, con distinto índice centromérico. Estos cromosomas poseen cromómeros heterocromáticos subteloméricos en ambos brazos, que visualizados mediante hibridación in situ con fluorescencia, revelan la posición de los telómeros contiguos. Mientras que el extremo del brazo largo de ambos cromosomas aparece, con escasas excepciones, incluido en el polo telomérico del bouquet, con relativa frecuencia, el extremo del brazo corto no alcanza a incorporase junto con los demás telómeros. Este fallo en la migración telomérica es más acusado en el cromosoma submetacéntrico 6R que en casi metacéntrico 1R, confirmando su dependencia de la configuración cromosómica. La alteración de la migración telomérica es seguido de fallos en la sinapsis y formación de quiasmas en los cromosomas 5R y 6R. El brazo 1RS, que lleva el organizador nucleolar, completa la sinapsis antes que 5RS o 6RS gracias a la ayuda de la fusión nucleolar producida en cigotena.

Synapsis and meiotic recombination in *Brassica napus* euploids and allohaploids

Grandont L (1), Cuñado N, Coriton O (2), Huteau V (2), Eber F (2), Chèvre AM (2), Grelon M (1), Chelysheva L(1), Jenczewski E(1).

Departamento de Génetica, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid, Spain (1) INRA, UMR1318, Institut Jean-Pierre Bourgin, RD10, F-78000 Versailles, France (2) INRA, UMR 1349, Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes, BP35327, F-35653 Le Rheu Cedex, France

correspondencia: nicuna@ucm.es

Meiotic recombination is the fundamental process which produces balanced gametes and generates diversity within species. For successful meiosis crossovers (CO) must form between homologous chromosomes. This condition is more difficult to fulfil in allopolyploid species which have more than two sets of related chromosomes (homoeologues). *Brassica napus* (AACC), a recent allotetraploid species originated from interspecific hybridization between ancestors of *B. oleracea* (CC) and *B. rapa*(AA), displays a diploid-like behavior at metaphase I. Our current understanding about the action of the diploidizing mechanism in this species is mainly based on cytological observations at MI. As these approaches focused on the final products of meiotic recombination (chiasmata, genetic exchanges), they did not provide comprehensive information on the way(s) homologous bivalents form in euploid B. napus, or the causes for the observed difference in CO rate between allohaploid plants from different varieties (such as Darmor-bzh and Yudal). The aim of this study, therefore, was to investigate the formation, progression and completion of several key hallmarks of meiosis - chromosome axes, the synaptonemal complex (SC), and meiotic recombination - in euploid and allohaploid plants of B. napus with different origins. Altogether, our results demonstrate that homologous and homeologous chromosomes are sorted at an early stage of prophase I in two representative accessions that otherwise show a genotypic difference in the progression of homologous recombination. On the other hand, our detailed comparison of meiosis in allohaploid and euploid plants also show that, contrary to other polyploid species, the mechanism(s) promoting efficient chromosome sorting in euploids do not suppress synaptic and chiasmatic homeologous associations in allohaploids. This suggests that, contrary to other polyploid species, chromosome sorting is "context-dependent" in B. napus.

Meiotic recombination and its implications for the mammalian genomic architecture

Capilla L (1) and Ruiz-Herrera A (1),(2)

(1) Institut de Biotecnologia i Biomedicina (IBB). Universitat Autònoma de Barcelona, Campus UAB, 08193, Bellaterra, Barcelona, Spain. (2) Departament de Biologia Cel•lular, Fisiologia i Immunologia. Universitat Autònoma de Barcelona. Campus UAB, 08193, Bellaterra, Barcelona, Spain.

correspondencia: aurora.ruizherrera@uab.cat

In the post-genomic era we are living at the moment the study of genome organization and function is opening new horizons in evolutionary biology and medicine. Changes of the genomic landscape play an important role in the evolutionary processes as well as in the development of inherited diseases and carcinogenesis. Analyzing how mammalian genomes are organized and by which mechanisms genome reshuffling is involved in speciation are fundamental for understanding the dynamics of genome. In this context, the aim of our research activity is to study genome reshuffling and how are they cross-related with recombination in the germ line. Here we will show how we address these questions by studying the genomes of pivotal mammalian species.

Localización cromosómica de secuencias de *Wolbachia* integradas en el genoma de *Chorthippus parallelus*

Toribio R, Martínez-Rodríguez P, Funkhouser-Jones L (1), Sehnert S (1), Bordenstein SR (1), Bella JL, Pita M.

Departamento de Biología (Genética), Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid.
(1) Department of Biological Sciences, Vanderbilt University, Nashville (EEUU)
correspondencia: raquel.toribio@estudiante.uam.es / miguel.pita@uam.es

Wolbachia es una bacteria endosimbionte con conocida capacidad de manipular en ocasiones la biología reproductiva de su hospedador. Estas alteraciones, destinadas a facilitar su propia transmisión generalmente por vía materna, pasan por la inducción de partenogénesis, la muerte selectiva de los machos o, en ciertos cruzamientos, la aparición de incompatibilidad citoplasmática (IC). Esta bacteria infecta a un número considerable de artrópodos y nematodos, estimándose en un 70 % las especies de estos taxones afectadas.

Por otra parte, cada vez hay más evidencias que demuestran en organismos infectados lo que se ha dado en llamar *Wolbachia lateral gene-transfer*, que se traduce en la existencia de inserciones del genoma bacteriano en el del hospedador, sin que haya aún información sobre la expresión o posible función de estos elementos, allí donde se han detectado.

Chorthippus parallelus es un ortóptero bien conocido por la zona híbrida que forma en los Pirineos, estudiada desde muy diversas perspectivas. Recientemente nuestro grupo ha puesto de manifiesto la presencia de *Wolbachia* en poblaciones tanto dentro, como fuera de esta zona híbrida. Además hemos comprobado que interviene en ella tanto produciendo IC, como afectando a determinados aspectos citogenéticos, tales como la producción de quiasmas o de espermátidas anormales.

Utilizando una técnica modificada de FISH que incluye el uso de Tiramidas, hemos detectado inserciones del genoma de *Wolbachia* en los cromosomas meióticos de *Chorthippus parallelus*. Estos fragmentos, de pequeño tamaño y secuencia conocida, parecen distribuirse de manera constante en los individuos analizados.

Se discute el papel que puedan desempeñar estas secuencias bacterianas en la organización y función del genoma del saltamontes, en la relación entre ambos organismos, así como en la coevolución de ambos genomas.

Combining cytogenetics and flow cytometry to the study of the marine dinoflagellate life cycle

Dapena C(2,3), Cuadrado A(4), Bravo I(2), Figueroa RI (1,2)

(1) Aquatic Ecology, Lund University, Lund (Sweeden) (2) Instituto Español de Oceanografía, Vigo (Spain) (3) Dept. de Zoología, Universidad Complutense, Madrid (Spain) (4) Dept. de Biomedicina y Biotecnología, Universidad de Alcalá, Madrid (Spain)

correspondencia: cdapena@msn.com

Very few studies have focused on the chromosomal characterization of the different life cycle stages of the dinoflagellates, unicellular algae best known for being causative agents of the popularly known as "red tides". These algae, some able to cause human health problems through the accumulation of their toxins in bivalve mollusks, grow very fast asexually, causing the bloom. However, their high environmental resilience is acquired by their ability to encyst as zygotes (sexually). The main difficulty in the study of these organisms life cycle lies in the difficulty to take apart the different stages of the cellular cycle (mitotic and meiotic nuclei), and of the life cycle (sexual and asexual phases), which are very similar when traditional technics of optical microscopy are used. Since it is not possible to obtain a total (100 %) sexual induction, cultures in which sexuality is induced are a mixture of sexual and asexual stages, which adds difficulty to their study. With the objective of analyzing the growth strategies of dinoflagellates and characterizing the cellular cycle phases, we designed an experiment in which we monitored with image flow cytometry the cellular cycle during mitotic proliferation and during sexual induction every 2 h during 3 days. We selected populations according to ploidy, separated them with sorting, and stained them with DAPI and with a marker of telomeric sequences. The comparative study of these cultures indicates that the life cycle of dinoflagellates could be much more complex than the depicted to date.

Citogenética de Digeneos: Primeras Aproximaciones

García D, Pasantes JJ

Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología
correspondencia: danielgarciasouto@gmail.com

Las fases larvarias de los trematodos digeneos afectan a un gran número de especies de moluscos, provocando incremento de las tasas de mortalidad, disminución de la fertilidad y una gran reducción en la productividad de los bancos de marisqueo. Además, dados los escasos estudios taxonómicos, existen muchas sinonimias y confusiones tanto en niveles específico y genérico como en niveles superiores. Aunque un estudio cariológico sistemático podría contribuir a una mejor comprensión de su filogenia, los trabajos al respecto son escasos y se restringen a la determinación del número cromosómico y la descripción del cariotipo en metafases teñidas con Giemsa. Puesto que en la mayoría de los casos esto impide la identificación inequívoca de pares cromosómicos, no es prudente extraer conclusiones evolutivas. La localización de secuencias de ADN mediante hibridación in situ fluorescente (FISH) podría permitir caracterizar cromosomas concretos y elaborar cariotipos fiables. En este trabajo mostramos los cariotipos de cinco especies de digeneos: *Parorchis acanthus* (Philophtalmidae), *Bacciger bacciger* (Faustulidae), un bucefálido aún sin identificar obtenido de *Spisula solida* y *S. subtruncata*, un digeneo perteneciente al género *Cryptocotyle* (Heterophyidae) aislado de *Polititapes romboides* y un miembro de la familia Fellodistomidae. Se evaluó la presencia de regiones ricas y pobres en GC por tinciones con DAPI/CMA /PI y se determinó la posición de los genes ribosómicos mayor y menor y de secuencias teloméricas mediante FISH. Los números cromosómicos de estas especies oscilan entre 2n = 12 en *B. bacciger* y 2n=22 en *P. acanthus*. Aunque el número de agrupaciones de rDNAs mayores y menores es constante, la posición y el tipo de cromosoma portador varían considerablemente, lo que los convierte en marcadores potencialmente adecuados para el estudio de la evolución cromosómica en estos organismos.

Integración de datos citogenéticos y NGS para el conocimiento del genoma del lenguado senegalés como especie para la diversificación de la acuicultura.

Portela-Bens S, Merlo MA, Rodríguez ME, Cross I y Rebordinos L

Departamento de Biomedicina, Biotecnología y Salud Pública, Área de Genética, Universidad de Cádiz.
correspondencia: silvia.portela@uca.es

Actualmente debido a la alta explotación de caladeros naturales la acuicultura posee un papel cada vez más importante como actividad económica productiva y por ello existe un alto interés en diversificar su oferta. A este respecto Solea senegalensis se encuentra entre las especies con mayor interés en acuicultura sin embargo existen diversos problemas en su cultivo que hace necesario un conocimiento de base del genoma de esta especie. Los grupos de genes cuyo estudio posee más importancia son los relacionados con la determinación sexual el sistema inmune y la metamorfosis. Para el conocimiento del genoma de una especie se reconoce muy útil el uso de genotecas BAC. Los BACs aislados mediante PCR4D contienen no solo el gen objetivo sino los genes adyacentes. Gracias a esto pueden seguirse 2 líneas de investigación: La 1ª sería utilizar dichos BACs como sondas de hibridación para realizar un mapa cromosómico de la especie mediante FISH teniendo como objeto obtener marcadores para cada uno de los cromosomas siendo la dotación cromosómica del lenguado de 2n=42. Esto nos permite conocer si los genes estudiados por grupos se encuentran en un mismo cromosoma y por tanto plantearse la posibilidad de conocer cuáles están ligados y cómo esto puede aplicarse a la mejora del cultivo. La otra línea pasaría por la secuenciación de los BACs con técnicas de secuenciación NGS que nos aporten la secuencia de los mismos y nos permita conocer los genes incluidos en el BAC. Además nos permitirá realizar una integración entre el mapa cromosómico y la información que nos aportan las secuencias como las distancias entre los genes su posición relativa y su orientación. Esta información además es muy útil para realizar estudios de sintenia en los que poder comparar el genoma de nuestra especie con los de otras especies cuyos genomas han sido parcial o completamente secuenciados. Gracias a ello se puede conocer la evolución genómica de genes que controlan caracteres importantes para el estudio

Uso de FISH-BAC y NGS en la elaboración de mapas genéticos en las ostras *Crassostrea angulata* y *C. gigas*.

Cross I, Portela Bens S, Merlo MA, Rodríguez ME, Rebordinos L.

Laboratorio de Genética. Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales. Universidad de Cádiz. Pol. Rio San Pedro s/n. 11510. Puerto Real, Cádiz (Spain).

correspondencia: laureana.rebordinos@uca.es

En especies económicamente importantes como las ostras, los mapas citogenéticos permiten localizar genes o secuencias de DNA sin necesidad de realizar cruzamientos ni de usar regiones polimórficas. Actualmente, una de las técnicas citogenéticas con mayor rendimiento y eficacia es la técnica FISH-BAC, que consiste en la localización de clones de genotecas BAC mediante hibridación in situ de fluorescencia (FISH). En este estudio hemos aplicado esta metodología a la caracterización de dos especies de ostras de gran relevancia económica: Crassostrea gigas y C. angulata. Junto con los mapas citogenéticos, el desarrollo de la secuenciación masiva (NGS) está permitiendo en los últimos años, a un menor coste, estudiar genomas completos, analizar polimorfismos de interés a escala genómica y realizar mapas físicos. Por tanto, la combinación de ambos tipos de mapas genéticos permiten avanzar de una manera más eficiente en el conocimiento del genoma de ambas especies. El objetivo de este estudio ha sido por una parte el desarrollo de marcadores citogenéticos, mediante FISH-BAC múltiple, para distinguir las diferentes parejas cromosómicas (2n=20) morfológicamente indistinguibles de ambas especies, y por otra, concluir el mapa genético de C. gigas, cuya secuencia, aún sin completar, ha sido recientemente publicada. Los resultados obtenidos en nuestro estudio han permitido mapear sondas BAC y comparar su posición en relación a los genes ribosómicos 5S y 18S, obteniendo marcadores cromosómicos para la mayoría de los cromosomas de las dos especies de ostras. Además se ha llevado a cabo la anotación de los BACs mapeados. El análisis de la secuencia completa del genoma de C. angulata realizado está permitiendo también arrojar más luz sobre los polimorfismos especie-especifico que permitan diferenciarlas y por tanto mejorar la gestión de sus recursos y su producción.

Estudio citogenético y caracterización de una familia de ADN satélite en la especie *Henosepilachna argus* (Coleoptera, Coccinellidae)

Pablo Mora, Jesús Vela, M. Isabel Torres, Teresa Palomeque, Pedro Lorite

Departamento de Biología Experimental, Facultad de Ciencias Experimentales, Universidad de Jaén, 23071 Jaén.
correspondencia: plorite@ujaen.es

Henosepilachna argus es un pequeño coleóptero perteneciente a la familia *Coccinelidae*, subfamilia *Epilachnenae*. A diferencia de los que ocurre con la mayor parte de los Coccinélidos, que son depredadores, esta especie es exclusivamente fitófaga, alimentándose de plantas pertenecientes a la familia de las Cucurbitáceas.

Usando células de macho se realizaron preparaciones cromosómicas para hacer el cariotipado de la especie. Posee un número cromosómico de 2n=18, lo que coincide con otras especies de la subfamilia, donde la mayor parte de ellas presentan un número cromosómico de 2n=18 ó 20. El determinismo del sexo es del tipo XX/XY. Los cromosomas sexuales muestran en metafase I la asociación en "paracaídas" (XYp). Mediante bandeo C se pone de manifiesto la existencia de grandes bloques heterocromáticos pericentroméricos en todos los cromosomas, incluidos los sexuales. La tinción con DAPI puso en evidencia un alto contenido en AT de esas regiones heterocromáticas.

En este trabajo se ha caracterizado una familia de ADN satélite mediante la digestión de ADN genómico con una batería de enzimas de restricción. La digestión con varias de ellas (MspI, HaeIII o AluI) genera una banda de aproximadamente 650 pb que fue clonada y secuenciada. El alineamiento de los clones secuenciados da lugar a una secuencia consenso de 657 pb. La hibridación *in situ* revela que este ADN satélite tiene una localización subtelomérica, estando presente en todos los cromosomas, si bien está ausente en uno de los brazos de los cromosomas de mayor tamaño. Mediante RT-PCR se ha determinado que esta familia de ADN satélite se transcribe a ARN.

Este trabajo ha sido financiado por la Junta de Andalucía gracias al programa "Ayudas a Grupos de Investigación", Grupo BIO220.

Heterochromatic blocks of giant sex chromosomes: epigenetic modifications and replication pattern

Romero-Fernández I, Casas-Delucchi C (1), Arroyo M, Cardoso MC (1), Marchal JA, Sanchez A

Departamento Biología Experimental, Universidad de Jaén, Paraje Las Lagunillas s/n E-23071, Jaén
(1) Department of Biology, Technische Universität Darmstadt, Germany
correspondencia: abaca@ujaen.es

Some vole species have a genome enriched in heterochromatin that arranges at pericentromeric regions and in large blocks coupled to the sex chromosomes. These blocks are easily visualized at DAPI staining during the cell cycle due to their prominent condensation. While DNA content has been extensively analyzed, little is known about the epigenetic modifications of the giant sex chromosomes heterochromatic blocks. In order to better understand how it functions and is organized within the nucleus, we have performed a detailed characterization by immunofluorescence of several epigenetic marks in cells from two species, *Microtus cabreare* and *Microtus agrestis*. Furthermore, we have assessed the replication dynamics of sex heterochromatin by a combination of procedures including pulses labeling analyses, immunostaining and live cell time lapse microscopy assays. In interphase cells from both species, heterochromatic blocks are enriched in H3K9me3 and HP1β, but present reduced levels of methylation at cytosine residues. Epigenetic modifications defining facultative heterochromatin (H3K27me3 and macroH2A) are also observed but do not overlap with H3K9me3 and HP1β signals in female cells. As expected, heterochromatic blocks are depleted on typical euchromatin marks H3K4me2 and H4K8ac. Our assays have defined the replication timing of sex heterochromatin to mid-late S phase. During mid S phase, replication factor PCNA colocalized with H3K27me3 and macroH2A signals, while H3K9me3 and HP1β stained-heterochromatin shows replication labeling subsequently at late S phase. In conclusion, heterochromatic blocks from vole sex chromosomes display a distinctive pattern of epigenetic marks during interphase as they lack one of the main features of constitutive heterochromatin: DNA hypermethylation. This unusual type of heterochromatin however follows the dogma of replication during S phase, occurring at mid-late S-phase.

Aplicación de la genómica en el estudio de elementos transponibles y ADN satélite en el genoma de las hormigas

Jesús Vela, Pablo Mora, Olivia Sanllorente, Sebastián Pita (1), Francisco Panzera (1), Teresa Palomeque, Pedro Lorite

Departamento de Biología Experimental, Facultad de Ciencias Experimentales, Universidad de Jaén, 23071 Jaén. (1) Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

correspondencia: plorite@ujaen.es

Los elementos transponibles (TE) son un componente importante de los genomas eucarióticos. Dentro de la clase II o TE con transposición mediada por ADN los elementos *mariners* son los más frecuentes y extendidos. Estos elementos tienen un único gen (transposasa) y están flanqueados por dos repeticiones invertidas terminales (ITRs). La familia *mariner* se ha dividido en cinco subfamilias principales.

En hormigas se han aislado cuatro diferentes tipos de *mariners*, tres de la subfamilia *mauritiana* y uno *irritans*. El uso de cebadores específicos para cada uno de ellos, basados en las ITRs, ha permitido su aislamiento en diferentes especies de hormigas, así como en otros grupos de insectos. Se desconoce la existencia de *mariners* de otras subfamilias. La secuenciación de genomas permite abordar la búsqueda de TE sin conocer la secuencia de sus ITRs. Actualmente hay 7 genomas de hormiga secuenciados. Estos genomas han servido de base para la búsqueda de *mariners* similares a los ya caracterizados así como de otros *mariners* pertenecientes a otras subfamilias.

El aislamiento de ADNsat mediante la digestión con enzimas de restricción (REs) ha resultado infructuosa en muchas de las especies analizadas, bien porque no se ha encontrado un RE que corte la unidad de repetición o porque el porcentaje de dicho ADNsat sea muy pequeño para generar bandas visibles en la electroforesis del ADN digerido. Se presenta un ejemplo de cómo el uso de estos genomas secuenciados ha permitido la caracterización de una familia de ADNsat en especies donde las técnicas de digestión con REs habían fallado.

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Educación y Ciencias (proyecto CGL2011-23841) y por la Junta de Andalucía (Proyecto de investigación de excelencia CVI-6807).

Cambios en expresión génica asociados a la presencia de cromosomas B en el saltamontes *Eyprepocnemis plorans*

Navarro-Domínguez B, Cabrero J, Bakkali M, Pellino M (1), Corral JM (1), López-León MD, Sharbel TF (1), Camacho JPM

Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Avda. Fuentenueva s/n 18071 Granada, Spain
(1) Apomixis Research Group, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Corrensstrasse 3, D-06466 Gatersleben, Germany

correspondencia: bnavarro@ugr.es

Se han descrito bastantes efectos de los cromosomas B a los niveles celular y fisiológico. Sin embargo, los posibles efectos de los cromosomas B a nivel molecular están bastante inexplorados a pesar de que quizás éste sea el primer nivel al que es detectada su presencia por el genoma hospedador. Aquí analizamos posibles cambios transcripcionales asociados con la presencia de cromosomas B, mediante dos experimentos de análisis masivo de la expresión génica en el saltamontes *Eyprepocnemis plorans*, uno basado en secuenciación Illumina y el otro en microarrays diseñados con las secuencias proporcionadas por el primer experimento. Para ello, extrajimos ARN de todo el cuerpo de dos hembras de Torrox (Málaga), una con cromosomas B y otra sin ellos. La secuenciación Illumina de ambos transcriptomas proporcionó millones de secuencias con las que diseñamos microarrays con 1.4 millones de sondas de 60 nucleótidos cada una. Sobre ellas hibridamos el ARN obtenido de los ovarios de 9 hembras (4 sin B y 5 con B) de Salobreña (Granada). La comparación del número de lecturas mapeadas sobre el transcriptoma ensamblado *de novo* con las secuencias de Illumina, entre las librerías +B y -B, indicó la existencia de más de 30.000 contigs diferencialmente expresados. Por otra parte, el análisis del microarray reveló alrededor de 10.000 secuencias con expresión diferencial significativa entre individuos con B y sin B. Al comparar ambos resultados, detectamos 804 secuencias que mostraron expresión diferencial con ambas estrategias de análisis, 348 con patrones coincidentes y 456 con patrones opuestos. Las expresiones diferenciales coincidentes sugieren efectos de los cromosomas B que son independientes de población, tipo de B, y parte corporal analizada y, por tanto, son los efectos más interesantes con respecto a la adaptación del genoma hospedador a la presencia de los cromosomas B. Finalmente, hemos validado algunas de estas expresiones diferenciales mediante qPCR.

La genómica al rescate de la citogenética

Ruiz-Ruano FJ, Ruiz-Estevez M, Martín-Blázquez R, Montiel EE, Cabral-de-Mello DC (1), Lorite P (2), Marchal JA (2), Sánchez A (2), Cuadrado A (3), Bakkali M, Perfectti F, López-León MD, Cabrero J, Camacho JPM

Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, 18071 Granada
(1) UNESP - Univ Estadual Paulista, Instituto de Biociências/IB, Departamento de Biologia, Rio Claro, São Paulo, Brazil
(2) Departamento de Biología Experimental, Facultad de Ciencias Experimentales, Universidad de Jaén, 23071 Jaén (Spain)
(3) Departmento de Biomedicina y Biotecnología, Universidad de Alcalá, 28871 Alcalá de Henares, Madrid
correspondencia: fjruizruano@ugr.es

La citogenética ha interaccionado tradicionalmente con otros campos de la genética, tales como la genética de poblaciones y la genética molecular. El auge actual de la genómica, especialmente tras el desarrollo de las técnicas de secuenciación masiva, constituye otra oportunidad que la citogenética no puede dejar pasar. En esta comunicación presentamos varios ejemplos de cómo la genómica puede enriquecer los trabajos citogenéticos sobre elementos repetitivos. Para ello no es necesario disponer de genomas de referencia, ni la secuenciación completa de nuestro genoma objeto de estudio. Los genomas de los saltamontes son 2-6 veces más grandes que el genoma humano, por lo que la secuenciación completa es complicada y muy costosa. Nosotros hemos realizado secuenciaciones con baja cobertura (mediante 454 e Illumina), que nos han proporcionado información muy valiosa para complementar varias investigaciones sobre elementos repetitivos. Éstas incluyen la composición genómica y la localización cromosómica de microsatélites, los genes U1 (implicados en el procesamiento del ARN mensajero), diferentes ADN satélites, y del retrotransposon RTE. Además, describimos un experimento realizado mediante secuenciación 454 de amplicones de la región ITS2 del ADN ribosómico. Los resultados incluyen el hallazgo de la dispersión de U1 entre cromosomas junto con el ADN ribosómico 5S y algunas SINEs, la abundancia de los mismos tipos de microsatélites en dos especies de saltamontes y su distribución preferencial en las regiones eucromáticas, la identificación de numerosos ADNs satélites en especies donde el método de digestión con enzimas de restricción había fallado, la tendencia del retrotransposón RTE a reinsertarse en el mismo cromosoma desde donde es transcrito, la existencia de un haplotipo de ITS2 específico de los cromosomas B de *Eyprepocnemis plorans*, y la demostración de la expresión no aleatoria de las diferentes unidades de ADN ribosómico.

Evolución cariotípica en *Hordeum*

Carmona A, de Bustos A, Jouve N, Cuadrado A

Dpto de Biotecnología y Biomedicina, Univ. de Alcalá
correspondencia: alejandro.carmona@uah.es

El género *Hordeum* comprende 33 especies, incluyendo taxa diploides (2n=2x=14) como *H. vulgare* (cebada cultivada), tetraploides (2n=4x=28) y hexaploides (2n=6x= 42) distribuidos por todo el Hemisferio Norte, Sudamérica y Sudáfrica. Conocer la evolución cariotípica y la estructura genómica en este género es fundamental desde un punto de vista práctico para poder utilizar especies silvestres de *Hordeum* como recurso génico en la mejora de especies de gran interés agronómico como lo son la cebada y el trigo. Evolutivamente es imprescindible para establecer hipótesis filogenéticas. Hace más de 50 años fueron definidos cuatro genomios básicos (**H**, **I**, **Xa**, y **Xu**) en *Hordeum*, en base al análisis de apareamiento meiótico observado en híbridos interespecíficos. La mayoría de las filogenias moleculares publicadas en los últimos años, convienen en separar las especies diploides de *Hordeum* en cuatro grandes grupos, coincidiendo con los genomas asignados citogenéticamente. Por el contrarío las filogenias presentan muchas incongruencias cuando se analizan especies poliploides, en parte porque el origen auto- o alopoliploide de las mismas no está definido. Otra dificultad es la existencia dentro de la misma especie de taxa con distintos niveles de ploidía, que debido a la similitud morfológica no pueden ser definidas como especies distintas. Con el objeto de aportar nuevos datos sobre la evolución cariotípica en *Hordeum*, presentamos en este trabajo cariotipos detallados de especies representativas de los distintos genomios, incluyendo diploides, tetraploides y hexaploides. En base a los marcadores cromosómicos obtenidos, localizando una decena de secuencias repetidas, combinando las técnicas de GISH, FISH y ND-FISH, hemos podido determinar relaciones de homología entre genomios, establecer relaciones filogenéticas entre especies y demostrar el origen de los poliploides. Trabajo financiado con la ayuda AGL 2012-34052 del MEC.

Obtención de líneas de interés entre *Hordeum chilense* y trigo harinero en el fondo genético del mutante *ph1*

Rey MD, Calderón MC, Prieto P

Departamento de Mejora Genética, Instituto de Agricultura Sostenible (CSIC), Apdo 4084, Córdoba (España)

correspondencia: mdoloresrey@ias.csic.es

El trigo harinero (*Triticum aestivum*, 2n = 6x = 42), es una especie aloploide que posee un genoma complejo con tres juegos de cromosomas (genomas **A**, **B**,y **D**). A pesar de ser un poliploide, el trigo se comporta como una especie diploide durante la meiosis debido a la presencia de varios genes de apareamiento homólogo (*Ph*, del inglés "pairing homoeologous"), siendo el más importante el locus *Ph1*. Este locus se encuentra en el brazo largo del cromosoma 5**B** y restringe el apareamiento sólo entre cromosomas homólogos o idénticos, impidiendo por tanto, la recombinación entre cromosomas homeólogos o relacionados. En ausencia del locus *Ph1* todos los cromosomas pueden sufrir un cambio en la estructura de la cromatina sin requerimiento de homología, por lo que se incrementa la probabilidad de que cromosomas homeólogos puedan asociarse y recombinar entre ellos. En este trabajo se persigue desarrollar nuevas líneas de interés de trigo harinero utilizando los mutantes *ph1* para facilitar la transferencia de caracteres de interés agronómico desde especies relacionadas. En concreto, se han utilizado líneas de sustitución y de adición para los cromosomas 4$\mathbf{H}^{ch}$, y 7$\mathbf{H}^{ch}$ de *H. chilense* para transferir a trigo resistencia a *Septoria tritice* e incrementar el contenido en carotenoides.

Se realizaron cruzamientos genéticos entre dichas líneas con mutantes *ph1*. El estudio del apareamiento cromosómico en metafase I de la meiosis en las líneas portadoras de introgresiones de *H. chilense* en el fondo genético del *ph1*, ha permitido la visualización, mediante hibridación *in situ*, de asociaciones cromosómicas trigo-*Hordeum*. Se han obtenido líneas de translocación para el cromosoma 7$\mathbf{H}^{ch}$ y líneas de introgresión para el cromosoma 4$\mathbf{H}^{ch}$ en el fondo genético del trigo.

Desarrollo y caracterización de líneas de introgresión del cromosoma 7H^{ch} de *Hordeum chilense* en trigo y estudio de su efecto en el contenido de pigmentos carotenoides en grano.

Mattera MG (1,2), Atienza SG (2) y Cabrera A (1)

(1) Departamento de Genética, ETSIAM, Universidad de Córdoba. Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario, ceiA3, 14071, España.
(2) Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Apdo. 4084, 14080 Córdoba, España.
correspondencia: mgmargenquil@yahoo.com.ar

Hordeum chilense Roem. et Schultz es una cebada silvestre diploide que presenta características de interés agronómico como son resistencia a enfermedades fúngicas, tolerancia a salinidad y el alto contenido de pigmento amarillo en el endospermo. Estudios previos han confirmado que el contenido de carotenoides en tritórdeo (anfiploide fértil entre *Hordeum chilense* y *T. turgidum*) es 5 a 8 veces superior al de trigo duro, sugiriendo que genes provenientes de la cebada silvestre están implicados en este incremento. Uno de estos genes, el gen *Psy1*, que codifica la enzima implicada en el primer paso de la ruta de biosíntesis de carotenoides se ha localizado en el cromosoma 7H^{ch} de *Hordeum chilense*. Las líneas de introgresión de este cromosoma de *Hordeum chilense* en trigo pueden ser útiles como puente para transferir genes involucrados en el alto contenido de carotenoides de la cebada silvestre al trigo. En este trabajo se presenta el desarrollo de líneas de introgresión (translocación y sustitución) del cromosoma 7H^{ch} en el fondo genético de trigo harinero. Las líneas obtenidas se han caracterizado mediante FISH/GISH y se han utilizado para el mapeo físico de marcadores moleculares en el cromosoma 7H^{ch}. Así mismo, las líneas desarrolladas han permitido estudiar el efecto de las introgresiones sobre el contenido de carotenoides en grano.

Una combinación de técnicas citogenéticas y moleculares para la búsqueda de marcadores específicos de cromosoma.

Fominaya A, Loarce Y, del Río V, Montes A, Coscolín C, Ferrer E.

Departamento de Biomedicina y Biotecnología. Área de Genética. Campus Universitario. Universidad de Alcalá. 28871- Alcalá de Henares, Madrid.

correspondencia: araceli.fominaya@uah.es

Para transferir genes responsables de características agronómicas procedentes de especies silvestres a la especie cultivada de avena (Avena sativa L., 2n=42, AACCDD), es importante conocer las relaciones entre cromosomas de las especies implicadas. La técnica de hibridación in situ con fluorescencia (FISH) permite estudiar la estructura del cromosoma, sus reordenaciones y su evolución. Esto conlleva disponer de secuencias marcadoras que diferencien genomios, cromosomas y regiones cromosómicas. Para desarrollar marcadores citogenéticos específicos de genomios y de cromosomas seleccionamos secuencias repetidas clonadas y aisladas del genoma de A. strigosa (2n=2x=14, AA) y A. murphyi (2n=4x=28, AACC) así como secuencias microsatélites, y que utilizamos como sondas en cromosomas de diferentes especies. Estas secuencias marcadoras detectaron reordenaciones cromosómicas en cultivares avanzados y comercializados. Para desarrollar marcadores citogenéticos específicos de regiones génicas homeólogas aislamos y utilizamos como sondas secuencias análogas a genes de resistencia (RGAs) que permitieron definir reordenaciones cromosómicas y de homeología entre los cromosomas de especies diploides y hexaploides.

Análisis estructural y funcional de centrómeros truncados en cromosomas telocéntricos de trigo

Gonzalo A, González-García M, Gómez-Revilla D, Cuacos M, Sainz R, Gómez-Aldecoa F, Narbona J, Díez M, Vega JM

Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid
correspondencia: vegajuanma@bio.ucm.es

En los eucariotas superiores, el centrómero está formado por megabases de secuencias de ADN altamente repetidas, lo que hace difícil determinar los elementos esenciales para la función centromérica. Cuando el centrómero misdivide se originan cromosomas telocéntricos con deleciones centroméricas. Estamos analizando las líneas doble ditelosómicas (dDt) del genoma B del cultivar de trigo hexaploide Chinese Spring para caracterizar la cantidad del centrómero que conservan, y determinar el efecto que tienen las deleciones en la función centromérica. Análisis de FISH con distintas partes del retroelemento centromérico de trigo CRW (CCS1, 192bp, CRW2, pBS301-1 y 6C6) demuestran que hay variabilidad entre los telocéntricos respecto a la cantidad del centrómero que conservan. En las líneas dDt1B y dDt6B, los telocéntricos para el brazo largo (1BL y 6BL) conservan gran parte del centrómero y todas las sondas analizadas; mientras que en los telocéntricos para el brazo corto (1BS y 6BS) observamos una reducción drástica en el tamaño del centrómero, y en el caso del telocéntrico 6BS no observamos la sonda CCS1. Estamos completando el análisis estructural mapeando las deleciones centroméricas en paquitena con el fin de determinar la magnitud de las mismas así como los puntos de rotura. Hemos estudiando los estiramientos de la cromatina centromérica en los bivalentes de telocéntricos del 6B en metafase I. En los bivalentes del 6BL los centrómeros se encuentran muy estirados hacia los polos, de forma similar a cuando el centrómero está entero. Sin embargo, en los bivalentes del 6BS los centrómeros no se estira de forma tan pronunciada. Los telocéntricos 6BL y 6BS aparecen como univalentes en aproximadamente 4 y 10 % de las metafases I analizadas, respectivamente. Estamos realizando inmunolocalización con CENH3 para determinar si el tamaño de las deleciones afecta la presencia de esta marca epigenética de la función centromérica.

El cromosoma B de centeno tiene secuencias centroméricas fuera de la región centromérica funcional

Gómez-Revilla D (1), González-García M (1), Cuacos M (1), Gonzalo A (1), Gómez-Aldecoa F (1), Narbona J (1), Sainz R (1), Klemme S (2), Banaei-Moghaddam AM (2), Houben A (2), Díez M (2), Vega JM (1)

(1)Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid; (2) Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, 06466 Gatersleben, Germany

correspondencia: vegajuanma@bio.ucm.es

El centrómero del cromosoma B de centeno tiene una organización peculiar en paquitena. Mientras que la región centromérica central aparece como una constricción, la región pericentromérica del B es más extensa y forma pronunciados bloques de heterocromatina. Hemos analizado mediante FISH en paquitena la localización en el B de ADN mitocondrial y las siguientes secuencias centroméricas: dos retroelementos centroméricos Ty3/gypsy específicos de centeno (Bilby y CRRye), distintas partes del retroelemento Ty3/gypsy de centeno ortólogo del retroelemento centromérico de trigo CRW, y la secuencia ScCL11, específica del B de centeno. En el cromosoma B se ha producido una acumulación de dichas secuencias en las regiones pericentroméricas respecto a la región centromérica central. No observamos ScCL11 en la región central. Estos resultados indicarían que el centrómero del B se originó a partir de un centrómero de los As que sufrió una extensión de la región pericentromérica por el acúmulo de retroelementos, secuencias específicas del B y ADN mitocondrial. Esta organización especial de la región pericentromérica en el B podría ser responsable del mecanismo de no disyunción que permite la acumulación de este cromosoma. La mayoría de las secuencias analizadas además de localizarse en el centrómero, también muestran señales de hibridación más débiles en los bloques heterocromáticos 3 y 4 del brazo largo del B. Mediante inmunolocalización con CENH3 hemos estudiado si estas secuencias centroméricas son capaces de reclutar nucleosomas cinetocóricos fuera del centrómero. Detectamos CENH3 únicamente entre las señales pericentroméricas de ScCL11, por lo tanto, el centrómero funcional está confinado a la región central y no se extiende a las regiones pericentroméricas ni a los bloques 3 y 4. Estos resultados sugieren que el cromosoma B de centeno tuvo probablemente una estructura dicéntrica, y que el centrómero presente en los bloques 3 y 4 fue inactivado.

Non-random distribution of 5S and 45S rDNA sites in plant chromosomes

Marcelo Guerra

Departamento de Botânica, CCB. Universidade Federal de Pernambuco. Brasil

correspondencia: msfguerra@hotmail.com

5S and 45S rDNA sites are the chromosome regions more widely mapped in eukaryotic chromosomes. The analysis of the distribution of these sites along the chromosome in several genera has suggested some bias. In order to evaluate if these loci are in fact non-randomly distributed and what are the influences of some chromosomal and karyotypic features on the distribution of these sites, a database was built with the position and number of 5S and 45S rDNA sites obtained by FISH in 1020 karyotypes belonging to 875 plant species. Data revealed that the most frequent number of 5S rDNA sites is two, a single pair (54.5%, including polyploids), whereas for 45S rDNA two and four sites were found in similar proportion. Both sites were preferentially localized on the short arms, but the 45S were very often found on the terminal chromosome region whereas the 5S were more proximal or interstitially located. Curiously, the 45S rDNA sites were more frequently found on the short arms of acrocentric chromosomes occupying the whole arm. In species with holokinetic chromosomes, 66% of the 5S and 100% of the 45S sites were located on the terminal position. 5S and 45S rDNA sites were often found on the short arm, reflecting the preferential distribution of both sites. Contrastingly, the frequency of two 5S or two 45S sites on the same chromosome was much lower. Surprisingly, 58% of genera investigated had at least one species bearing 5S and 45S sites on the same chromosome and in 48% of these latter the two sites were in adjacent positions whereas the linkage is rarely conserved among species of a genus. These data indicate that this association occurred several times during angiosperm evolution, although it has been maintained only rarely as the dominant array in a genus.

PARTICIPANTES

	Organismo/ e_mail	Pg.
Aranburu Vegas, Aitziber	Univ. de Navarra aitziber.aranburu.vegas@gmail.com	
Arroyo López, María	Univ. de Jaén maria_cal277@hotmail.com	11
Bella Sombría, José Luis	Univ. Autónoma de Madrid bella@uam.es	15
Bravo Portela, Isabel	Inst. Español de Oceanografía, Vigo isabel.bravo@vi.ieo.es	16
Cabrera Caballero, Adoración	Inst. Agricultura Sostenible, Córdoba ge1cabca@uco.es	27
Cabrero Hurtado, Josefa	Univ. de Granada jcabrero@ugr.es	23, 24
Carmona Calderón, Alejandro	Univ. de Alcalá alejandro.carmona@uah.es	25
Cebrián Castillo, Jorge	Centro de Investigaciones Biológicas, Madrid jcebrian@cib.csic.es	10
Cuadrado Bermejo, Ángeles	Univ. de Alcalá angeles.cuadrado@uah.es	16, 24, 25
Cuñado Rodríguez, Nieves	Univ. Complutense Madrid nicuna@ucm.es	13
Dapena Fernandez, Carlos	Inst. Español de Oceanografía, Vigo cdapena@msn.com	16
De Bustos Rodríguez, Alfredo	Univ. de Alcalá alfredo.bustos@uah.es	25
Díez Sancho, Manuel	Univ. Complutense madisa@ucm.es	29, 30
Figueroa Pérez, Rosa Isabel	Inst. Español de Oceanografía, Vigo rosa.figueroa@vi.ieo.es	16
Fominaya Yague, Araceli	Univ. de Alcalá araceli.fominaya@uah.es	28
García Souto, Daniel	Univ. de Vigo danielgarciasouto@gmail.com	17
Gómez Revilla, Diana	Univ. Complutense dianagomezrevilla@gmail.com	29, 30
Gómez-Aldecoa Cuadrado, Fernando	Univ. Complutense ferdecoa@hotmail.com	29, 30
González García, Miriam	Univ. Complutense myriamglez.garcia@gmail.com	29, 30
Gonzalo Sánchez, Adrian	Univ. Complutense a.gonzalo@ucm.es	29, 30
Guerra, Marcelo	Univ. Federal de Pernambuco, Brasil msfguerra@hotmail.com	31
Jouve de la Barreda, Nicolás	Univ. de Alcalá nicolas.jouve@uah.es	25
Lorite Martínez, Pedro	Univ. de Jaén plorite@ujaen.es	20, 22, 24
Marchal Ortega, Juan Alberto	Univ. de Jaén jamaor@ujaen.es	11, 21, 24
Martin Mesa, Carmen	LABCO NOUS, Madrid carmen.martin@labco.eu	
Martínez Camacho, Juan Pedro	Univ. de Granada jpmcamac@ugr.es	23, 24
Mattera, María Grabiela	Inst. Agricultura Sostenible, Córdoba mgmargenquil@yahoo.com.ar	27
Mora Ruiz, Pablo	Univ. de Jaén	20, 22

Naranjo Pompa, Tomás	Univ. Complutense de Madrid toranjo@bio.ucm.es	12
Navarro Domínguez, Beatriz	Univ. de Granada bnavarro@ugr.es	23
Pita Domínguez, Miguel	Univ. Autónoma de Madrid miguel.pita@uam.es	15
Portela Bens, Silvia	Univ. de Cádiz silvia.portela@uca.es	18, 19
Puertas Gallego, María Jesús	Univ. Complutense majetas@ucm.es	9
Rebordinos González, Laureana	Univ. de Cádiz laureana.rebordinos@uca.es	18, 19
Rey Santomé, María Dolores	Inst.de Agricultura Sostenible, Córdoba mdoloresrey@ias.csic.es	26
Romero Fernández, Ismael	Univ. de Jaén isrofe@ujaen.es	11, 21
Ruiz-Herrera Moreno, Aurora	Univ. Autònoma Barcelona aurora.ruizherrera@uab.cat	14
Ruiz-Ruano Campaña, Francisco J.	Univ. de Granada fjruizruano@gmail.com	24
Sáinz Urruela, Raquel	Univ. Complutense Raquel_su06@hotmail.com	29, 30
Sánchez Baca, Antonio	Univ. de Jaén abaca@ujaen.es	11, 21, 24
Torralba Albache, Norelia Rosa	Univ. Alcalá engastediamante@gmail.com	
Vega Melero, Juan Manuel	Univ. Complutense vegajuanma@bio.ucm.es	29, 30
Vela Herrador, Jesús	Univ. de Jaén	20, 22

NOTAS