

The background of the slide is a grayscale electron micrograph showing a dense network of biological fibers. In the upper right corner, there is a 3D model of a chromosome, colored in blue and yellow, showing a characteristic X-shape.

IV SEMINARIO DE CITOGENÉTICA

**Sociedad Española de Genética
Universidad de Jaén**

**Cazorla (Jaén)
10-13 Julio 2006**



IV SEMINARIO DE CITOGENÉTICA

Sociedad Española de Genética
Universidad de Jaén

Cazorla (Jaén)
10-13 Julio 2006

Comité Organizador:

Teresa Palomeque Messía
Mónica Bullejos Martín
Pedro Lorite Martínez
Antonio Sánchez Baca
Manuel Jesús Acosta López
Martín Muñoz López

Con la colaboración de:

Excelentísimo Ayuntamiento de Cazorla
Caja Granada
Albus (suministros para laboratorio)
Dicsa (distribuciones industriales y científicas)
Hucco-Erlöss
Eppendorf

PROGRAMA

10 JULIO

17:00 – 20:00 Recepción de participantes

21:00 Copa de bienvenida

11 JULIO

PRIMERA SESIÓN

9:30 – 10:00 Presentación

10:00 – 11:00 Conferencia inaugural: La enigmática evolución cromosómica en las ranas neotropicales del género *Eleutherodactylus*. M Schmid

11:00 – 11:30 Café

11:30 – 11:50 Distribución del complejo de condensina I en espermatoцитos de ratón. A Viera, R de la Fuente, MT Parra, J Page, R Gómez, A Calvente, JS Rufas y JA Suja

11:50 – 12:10 Apareamiento y segregación de los cromosomas sexuales en la meiosis del jerbo (*Meriones unguiculatus*) R de la Fuente, A Viera, MT Parra, A Calvente, R Gómez, JA Suja, JL Santos, JS Rufas y J Page

12:10 – 12:30 El gen *SRY* de *Microtus cabreræ* y su asociación con elementos genéticos móviles. MJ Acosta, JA Marchal, M Bullejos y A Sánchez

12:30 – 12:50 Degeneración de los cromosomas y de *Rumex acetosa*, una especie con un sistema de cromosomas sexuales múltiple XX/XY₁Y₂. B Mariotti, S Manzano, I García y M Jamilena

13:30 – 17:30 Almuerzo

SEGUNDA SESIÓN

17:30 – 17:50 Papel de centrómeros y telómeros en la búsqueda del cromosoma homólogo en la meiosis de trigo. E Corredor, P Pachón, A Lukaszewski y T Naranjo

17:50 – 18:10 Análisis citogenético y molecular de nuevos mutantes meióticos en *Arabidopsis thaliana*. M Pradillo, E López, C Romero, N Cuñado y JL Santos

18:10 – 18:40 Café

18:40 – 19:00 Marcadores cromosómicos y su relación con la infección por *Wolbachia* en una población híbrida de *Chorthippus parallelus*. J Sarasa, M Zabal-Aguirre, C López-Fernández, F Arroyo y JL Bella

19:00 – 19:20 Diferencias cromosómicas entre poblaciones ibéricas dentro y fuera de la zona híbrida de *Chorthippus parallelus* (*Orthoptera*). JL Bella, L Serrano, J Orellana y PL Mason

19:20 – 19:40 Análisis de las posibles causas de sustitución de un cromosoma B neutralizado por otro parasítico, en el saltamontes *Eyprepocnemis plorans*. MI Manrique-Poyato, AJ Muñoz-Pajares, V Loreto, MD López León, J Cabrero y JPM Camacho

21:00 Cena

12 JULIO

EXCURSIÓN A UBEDA Y BAEZA

14:30 – 17:30 Almuerzo

TERCERA SESIÓN

17:30 – 17:50 Localización mediante FISH de los genes de histonas en la familia *Mytilidae*. C Pérez-García, P Mórán y JJ Pasantes

17:50 – 18:10 El complejo *Cassida viridis*: un caso de especiación cromosómica (*Coleoptera, Chrysomelidae*). JA Jurado-Rivera y E Petitpierre

18:30–19:00 Café

19:00 – 19:20 Estudio del apareamiento meiótico en híbridos de trigo duro (*T. turgidum*) y especies silvestres relacionadas. M Cifuentes, V García y E Benavente

19:20 – 20:00 Saturando el mapa físico de trigo con microsatélites. M Cardoso, MH Zanettini, S Brammer, N Jouve y A Cuadrado

21:00 Cena

13 JULIO

CUARTA SESIÓN

9:30 – 9:50 Identificación y caracterización de dos genes que codifican proteínas heterocromáticas en *Sciara coprophila*. PG Greciano, L Kremer, MF Ruiz y C Goday

9:50 – 10:10 Elementos genéticos transponibles en hormigas, posible papel en la evolución del DNA satélite. M Muñoz-López, P Lorite y T Palomeque

10:10 – 10:30 Estudio de polimorfismos a nivel de heterocromatina pericentromérica en humanos mediante W-CGH (hibridación genómica comparativa completa). M Pita, MI Dávila-Rodríguez, El Cortés-Gutiérrez y J Gosálvez

10:30 – 10:50 Hibridación genómica comparativa completa (W-CGH) en el género *Ovis*. MI Dávila-Rodríguez, El Cortés-Gutiérrez, M Pita, JL Vázquez-Hernández, C López-Fernández y J Gosálvez

10:50 – 11:20 Café

11:20 – 11:40 Diferencias en la constitución de los *knobs* en líneas de maíz seleccionadas para alta y baja tasa de transmisión de cromosomas B. M González-García, M González Sánchez, JM Vega y MJ Puertas

11:40 – 12:00 Transferencia al maíz de fragmentos grandes de DNA y localización cromosómica de los lugares de inserción mediante FISH. JM Vega, W Yu, A Kato, F Han, E Peters y JA Birchler

12:00 – 12:20 Análisis comparativo de la organización de secuencias simples repetidas (SSRs) en los cromosomas del hombre, cebada y *Drosophila*. A Cuadrado y N Jouve

12:20 – 12:40 Nuevas aportaciones a la citotaxonomía y evolución cromosómica de la subfamilia *Chrysomelinae* (*Coleoptera*, *Chrysomelidae*). E Petitpierre

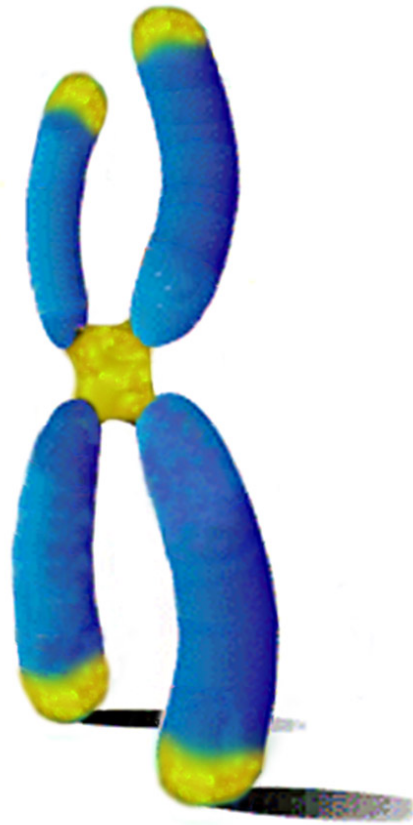
13:30 – 17:30 Almuerzo

QUINTA SESIÓN

17:30 – 18:30 Conferencia de Clausura: El complejo sinaptonémico: medio siglo de historia. Julio S. Rufas

18:30 – 19:30 Reunión de la Sección de Citogenética

21:00 Cena



PRIMERA SESIÓN

MODERADOR: NICOLAS JOUVE

LA ENIGMÁTICA EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN LAS RANAS NEOTROPICALES DEL GÉNERO *Eleutherodactylus*

Michael Schmid

Department of Human Genetics, Biocenter, University of Würzburg, Germany

Using conventional and molecular cytogenetic techniques the mitotic and meiotic chromosomes of a very large number of species belonging to the neotropical frog genus *Eleutherodactylus* are studied in detail. Furthermore, genome sizes of all available species and their mitochondrial DNA sequences are determined. Up to date more than 700 genuine species of *Eleutherodactylus* have been described in the literature. In this project more than 200 species were collected during expeditions to Costa Rica, Venezuela, Brazil, Peru, Bolivia, Cuba, Jamaica, Puerto Rico, Haiti, Hispaniola and the Lesser Antilles. Their chromosomes and DNAs were prepared in these countries in laboratories of collaborating colleagues and transported to the Biocenter of the University of Würzburg (Germany) for further analyses.

The rate of chromosome evolution among frog species of the genus *Eleutherodactylus* is so far the highest found for all vertebrates, including mammals. This genus has gone through an explosive radiation and speciation. Zoologists suggest the existence of more than 1,000 species in this genus. All types of structural and numerical chromosome mutations have been detected in *Eleutherodactylus* (reciprocal and non-reciprocal translocations, centric fusions and fissions, inversions). Additionally, in most species there is an exceptional high rate of intra-individual somatic and meiotic chromosome instability (complex translocations, fusions, inversions, ring chromosomes, neocentromeres), leading to mosaic chromosome conditions. In several species very unusual sex chromosomes of the XY/XX and ZW/ZZ type, as well as Y-autosomal translocations have been discovered. At least one species has mobile 18S + 28S ribosomal RNA genes that move freely between telomeres of the chromosomes, and at least one species presents multivalent meiotic chromosomes. Chromosome and genome instability seem to be the leading forces of the conspicuous species diversification (and adaptive radiation) of the frog genus *Eleutherodactylus*. In no other extant vertebrate group there is such a high inter-species, inter-individual, and intra-individual chromosome variability as is the case in *Eleutherodactylus*.

DISTRIBUCIÓN DEL COMPLEJO DE CONDENSINA I EN ESPERMATOCITOS DE RATÓN

Alberto Viera, Roberto de la Fuente, María Teresa Parra, Jesús Page, Rocío Gómez, Adela Calvente, Julio S. Rufas y José Ángel Suja

Unidad de Biología Celular, Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid. Cantoblanco, 28049 Madrid

Recientemente se ha caracterizado en *Xenopus laevis* un complejo multiproteico, denominado complejo de condensina, presente en cromosomas mitóticos. Este complejo es esencial en los procesos de condensación cromosómica, así como para el mantenimiento de la estructura cromosómica. La composición canónica del complejo viene definida por la presencia de cinco subunidades, dos pertenecientes a la familia de las SMCs (*Structural Maintenance of Chromosomes*), SMC2 y SMC4, las proteínas CAP-G, CAP-D2 y a la kleisina CAP-H. Actualmente, se han caracterizado complejos análogos en diversas especies desde *Saccharomyces cerevisiae* hasta *Homo sapiens*. Recientemente, se ha descrito la existencia de otro complejo con las mismas subunidades SMCs, junto con las proteínas CAP-D3, CAP-G2 y la kleisina CAP-H2. Este nuevo complejo ha sido definido como complejo de condensina II, por lo que el inicialmente descrito ha pasado a denominarse condensina I. El correcto funcionamiento de ambos complejos resulta indispensable, puesto que la alteración de cualquiera de sus subunidades produce severos defectos de condensación y segregación.

Se estudia, por primera vez en vertebrados, la presencia y localización de las subunidades del complejo de condensina I durante la espermatogénesis de ratón. Los resultados demuestran que este complejo proteico aparece en los nucleolos de los núcleos de los espermatoцитos en la profase-I. En los cromosomas condensados el complejo de condensina I forma unos ejes que transcurren por el interior de las cromátidas presentando acúmulos en sus extremos, colocalizando con los complejos teloméricos, en el dominio citológico del telómero. Igualmente, por primera vez se presenta la distribución relativa de los complejos de condensina I y de cohesina a lo largo de la meiosis. Adicionalmente se ha realizado impregnación argéntica en cromosomas meióticos condensados con el objetivo de visualizar sus ejes cromatídicos. Los resultados obtenidos demuestran que estos ejes se disponen mostrando un patrón de distribución muy similar al del complejo de condensina I.

APAREAMIENTO Y SEGREGACIÓN DE LOS CROMOSOMAS SEXUALES EN LA MEIOSIS DEL JERBO (*Meriones unguiculatus*)

Roberto de la Fuente¹, Alberto Viera¹, María Teresa Parra¹, Adela Caliente¹, Rocío Gómez¹, José Ángel Suja¹, Juan Luis Santos², Julio S. Rufas¹ y Jesús Page¹

¹ Unidad de Biología Celular. Departamento de Biología. Universidad Autónoma de Madrid. Cantoblanco, 28049 Madrid

² Departamento de Genética. Facultad de Biología. Universidad Complutense de Madrid

Durante las etapas tempranas de la primera profase meiótica, los cromosomas homólogos se aparean, forman el complejo sinaptonémico y sufren fenómenos de recombinación recíproca que dan lugar a la formación de quiasmas. Estos fenómenos, junto con la existencia de un complejo multiproteico (el complejo de cohesina) que mantiene las cromátidas hermanas unidas hasta el inicio de la anafase-I, aseguran una correcta segregación de los homólogos durante la primera división meiótica. En la mayoría de los mamíferos, el par sexual XY asegura su correcta segregación gracias a la existencia de una pequeña región denominada pseudoautosómica (PAR), en la que ocurren los fenómenos de sinapsis y recombinación. Sin embargo, en algunas especies de mamíferos los cromosomas sexuales aparentemente no presentan PAR, ya que no forman complejo sinaptonémico. Con el objetivo de caracterizar cuáles son los mecanismos que aseguran la correcta segregación de los cromosomas sexuales en estos casos hemos estudiado la localización de diversas proteínas implicadas en los procesos de sinapsis (SYCP1 y SYCP3), recombinación (RAD51 y MLH1) y cohesión (SMC3) en el jerbo de Mongolia (*Meriones unguiculatus*, *Gerbillidae*). Nuestros resultados indican que en esta especie los cromosomas sexuales forman elementos axiales y ejes de cohesina, pero éstos nunca se asocian por medio de componentes del elemento central del complejo sinaptonémico. Por otro lado, se ha observado que los cromosomas X e Y nunca llevan a cabo fenómenos de recombinación recíproca y, por lo tanto, son aquiasmáticos. Sin embargo, hemos encontrado que a partir de diacinesis y hasta la anafase-I los cromosomas sexuales sufren una modificación estructural muy conspicua de sus elementos axiales. Dado que ambos cromosomas sexuales permanecen asociados durante metafase-I, proponemos que dicha modificación de los elementos axiales podría resultar en la formación de una estructura implicada en asegurar una correcta segregación.

EL GEN *SRY* DE *Microtus cabreræ* Y SU ASOCIACIÓN CON ELEMENTOS GENÉTICOS MÓVILES

Manuel Jesús Acosta, Juan Alberto Marchal, Mónica Bullejos y Antonio Sánchez

Área de Genética. Departamento de Biología Experimental. Universidad de Jaén. 23071 Jaén

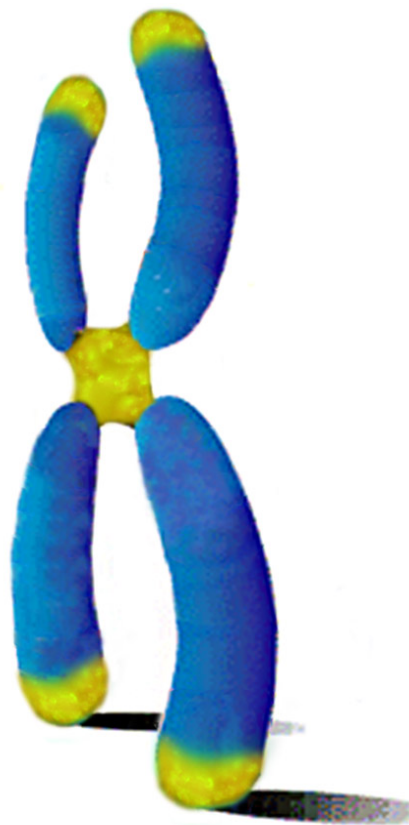
El gen *SRY* (Sex determining region of the Y chromosome) es un gen de copia única localizado en la región diferencial del cromosoma Y de mamíferos, siendo el encargado de la diferenciación del primordio gonadal como testículo. En nuestro laboratorio hemos descrito una interesante excepción a esta regla. Se trata de la especie *Microtus cabreræ*, un roedor endémico de la Península que presenta copias múltiples del gen *SRY* tanto en machos como en todas las hembras. Algunas de estas copias están localizadas en la porción eucromática del cromosoma Y, igual que en otras especies de micrótidos, así como por toda la región heterocromática del cromosoma X. En este trabajo hemos analizado el gen *SRY* y sus regiones adyacentes de las copias localizadas en ambos cromosomas sexuales de *M. cabreræ*. El análisis de las copias del cromosoma X se realizó mediante amplificaciones por PCR a partir de ADN genómico de hembras, mientras que para las del cromosoma Y fue necesario aislar este cromosoma mediante microdissección cromosómica. Todas las copias analizadas del gen *SRY* de ambos cromosomas presentaban codones de parada, lo que indica que no son funcionales y explica el desarrollo normal de las hembras de esta especie. Dado que los machos muestran un desarrollo testicular normal, hemos de suponer la existencia de, al menos, una copia funcional de este gen en el cromosoma Y. El análisis de las regiones 5' y 3' adyacentes a las copias del gen *SRY* de ambos cromosomas sexuales ha puesto de manifiesto que éstas están asociadas con secuencias de elementos genéticos móviles. En concreto, con retrotransposones del tipo LINE-1. La asociación con estos elementos puede explicar la extraña distribución del gen *SRY* en *M. cabreræ*, ya que éstos pueden haber estado implicados en la amplificación de este gen en el cromosoma Y y en su transferencia desde el cromosoma Y a la heterocromatina del cromosoma X.

DEGENERACIÓN DE LOS CROMOSOMAS Y DE *Rumex acetosa*, UNA ESPECIE CON UN SISTEMA DE CROMOSOMAS SEXUALES MÚLTIPLE XX/X₁Y₁Y₂

Beatrice Mariotti, Susana Manzano, Irene García y Manuel Jamilena

Departamento de Biología Aplicada, Escuela Politécnica Superior. Universidad de Almería, La Cañada de San Urbano s/n. 04120 Almería

Los cromosomas sexuales de plantas, puesto que tienen un origen evolutivo mucho más reciente que los de animales, ofrecen la oportunidad única de estudiar los mecanismos implicados en la degeneración de los cromosomas Ys a lo largo de la evolución. Los cromosomas sexuales de *Rumex acetosa*, una especie con un sistema de cromosomas sexuales múltiple XX/X₁Y₁Y₂, debe de haber evolucionado a partir de una pareja de autosomas. La pérdida de recombinación entre los cromosomas sexuales incipientes habría favorecido la divergencia entre los cromosomas X e Y, así como la degeneración de los cromosomas Ys mediante la acumulación de mutaciones y secuencias de ADN repetido. En este trabajo presentamos la clonación y caracterización de dos familias de ADN satélite específicas de los cromosomas Ys de *R. acetosa*: RAYI y RAYII. Las secuencias nucleotídicas de las unidades de repetición de estos ADNs satélites muestran entre sí una homología de aproximadamente un 60%, así como cierto grado de homología con las unidades de RAYSI, un ADN satélite específico de los cromosomas Ys de *R. acetosa* descrito previamente. La hibridación *in situ* confirma que estos ADNs satélites se encuentran localizados específicamente en uno o varios clusters de los cromosomas Ys de *R. acetosa*. El análisis del grado de conservación de estas secuencias en el genoma de otras especies del género *Rumex* mediante Southern blot ha indicado que RAYI y RAYII se encuentran presentes únicamente en las especies de la sección *Acetosa* con sistemas de cromosomas sexuales múltiple (XX/XY₁Y₂), tales como *R. papillaris* y *R. thyrsoides*, pero no en otras especies dioicas con sistemas de cromosomas sexuales simples (XX/XY), tales como *R. acetosella* o *R. suffruticosus*, o en especies hermafroditas del género. Estos resultados indican que la degeneración de los cromosomas Y1 e Y2 tanto de *R. acetosa* como de otras especies dioicas de *Rumex* con cromosomas sexuales múltiples, ha supuesto la acumulación específica de un gran número de secuencias repetidas en tándem relacionadas. Se discute el origen y evolución de estas secuencias de ADN repetido en cromosomas desprovistos de recombinación.



SEGUNDA SESIÓN

MODERADOR: EDUARD PETITPIERRE

PAPEL DE CENTRÓMEROS Y TELÓMEROS EN LA BÚSQUEDA DEL CROMOSOMA HOMÓLOGO EN LA MEIOSIS DE TRIGO

E. Corredor¹, P. Pachón¹, A. Lukaszewski² y T. Naranjo¹

¹ Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid

² Department of Botany and Plant Sciences, University of California, Riverside, CA (USA)

La existencia de un mecanismo que facilite el reconocimiento entre los cromosomas homólogos en el comienzo de la meiosis adquiere especial relevancia en organismos con números cromosómicos altos, muchos de los cuales son poliploides con varios juegos cromosómicos. La formación del bouquet en leptotena es considerada una pieza fundamental de este mecanismo. En el trigo panadero, *Triticum aestivum* ($2n = 6x = 42$), los centrómeros se asocian en estructuras complejas coincidiendo con la formación del bouquet. Estas estructuras han sido propuestas también como un componente importante del mecanismo involucrado en la elección de pareja. Hemos estudiado cómo influyen los centrómeros y regiones subteloméricas en la elección de pareja observando el efecto derivado de la sustitución de un centrómero original de trigo por otro de centeno o el efecto del cambio de posición del centrómero de central a telocéntrico. El centrómero original de trigo fue reemplazado por el de centeno tras dos ciclos sucesivos de roturas y fusiones céntricas entre cromosomas de trigo y centeno. La homocigosis o heterocigosis para la estructura del centrómero no afecta al apareamiento de los cromosomas homólogos en metafase I. Además cromosomas homeólogos con centrómeros homólogos raramente aparecen. En profase I temprana los centrómeros homólogos presentan frecuencias de asociación baja que solo se incrementan con la progresión de la sinapsis. La capacidad de los centrómeros para asociarse está influida por su posición. Los centrómeros de los cromosomas telocéntricos se encuentran y asocian antes que los de los cromosomas metacéntricos. Por otro lado, los marcadores cromosómicos distales se asocian antes que los centrómeros situados en posiciones centrales. Todos estos resultados sostienen que las regiones subteloméricas juegan un papel más relevante que los centrómeros en la elección de pareja.

ANÁLISIS CITOGENÉTICO Y MOLECULAR DE NUEVOS MUTANTES MEIÓTICOS EN *Arabidopsis thaliana*

M. Pradillo*, E. López*, C. Romero, N. Cuñado y J.L. Santos

Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid

La mutagénesis insercional con T-DNA procedente de la bacteria *Agrobacterium tumefaciens* es una de las estrategias más frecuentemente utilizadas para el aislamiento de genes meióticos en plantas. Un primer paso en la identificación de mutantes meióticos es la detección de plantas con fertilidad reducida. Un análisis citogenético posterior permite comprobar si las mutaciones afectan verdaderamente al proceso meiótico, ya que pueden existir mutantes, que aunque manifiesten un fenotipo similar, presenten alteraciones en otros aspectos del desarrollo reproductivo. Finalmente el aislamiento del gen meiótico se consigue por medio de la aplicación de técnicas moleculares como la I-PCR utilizando para el clonaje las secuencias adyacentes al T-DNA.

En nuestro laboratorio se está realizando una búsqueda de mutantes semiestériles (tamaño reducido de las silicuas y bajo número de semillas por silicua) en líneas de *Arabidopsis thaliana* mutagenizadas con T-DNA. En el presente trabajo se describen los mutantes meióticos encontrados, que pueden englobarse en cuatro categorías: i) Mutantes de fragmentación, caracterizados por la rotura de los cromosomas en anafase I; ii) Mutantes que presentan alteraciones en la condensación de la cromatina a lo largo del proceso meiótico; iii) Mutantes con errores relacionados en la segregación cromosómica, como consecuencia de fallos en el funcionamiento o en la morfogénesis del huso; iv) Mutantes con variación en el número cromosómico. Se mostrará hasta que punto se ha avanzado en la caracterización citogenética y molecular de cada uno los mutantes.

* Estos autores han contribuido por igual a este trabajo.

MARCADORES CROMOSÓMICOS Y SU RELACIÓN CON LA INFECCIÓN POR *Wolbachia* EN UNA POBLACIÓN HÍBRIDA DE *Chorthippus parallelus*

J. Sarasa, M. Zabal-Aguirre, C. López-Fernández, F. Arroyo y J.L. Bella

Dpto. de Biología (Genética), Facultad de Ciencias, C/ Darwin, 2, Universidad Autónoma de Madrid, 28049 Madrid

Las zonas híbridas se presentan, por sus características, como un laboratorio natural para el estudio de la evolución. Este trabajo analiza la población de híbridos de *Chorthippus parallelus* de Portalet (Valle de Tena, Huesca). Las dos subespecies de saltamontes involucradas en esta zona híbrida, *C. parallelus parallelus* y *C.p. erythropus* presentan diferencias morfológicas, etológicas, bioquímicas, etc. Desde el punto de vista citogenético, estas diferencias afectan fundamentalmente al patrón de bandeo-C del cromosoma X, y al número y localización de las regiones organizadoras de nucleolo (NORs).

Por otra parte, se ha encontrado recientemente que estas subespecies presentan infección por *Wolbachia*. Esta bacteria, endosimbionte obligado, puede provocar alteraciones reproductivas potencialmente implicadas en la dinámica de esta zona híbrida.

Hasta la fecha se ha comprobado la infección en todas las poblaciones analizadas, tanto dentro como fuera de esta zona de contacto. Esto ha permitido observar la presencia de dos cepas distintas de la bacteria, así como diferencias notables en las frecuencias de infección de las poblaciones estudiadas. Al comparar en ellas las clinas de los caracteres citogenéticos con las frecuencias de infección, se ha observado cierta relación entre estas variables

El presente trabajo muestra el análisis de una población modelo de la zona híbrida, en concreto la de Portalet, con objeto de inferir la posible correlación entre el tipo de infección y de marcador cromosómico que presenta cada individuo.

DIFERENCIAS CROMOSÓMICAS ENTRE POBLACIONES IBÉRICAS DENTRO Y FUERA DE LA ZONA HÍBRIDA DE *Chorthippus parallelus* (ORTHOPTERA)

J.L. Bella¹, L. Serrano², J Orellana³ y PL Mason⁴

¹ Dpto. de Biología (Genética), Facultad de Ciencias, C/ Darwin - 2, Universidad Autónoma de Madrid, 28049 Madrid

² Department of Genetics, Human Genetics Institute, Rutgers University, Piscataway, New Jersey, USA

³ Departamento de Biotecnología, ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid

⁴ School of Biological Sciences, Queen Mary College, University of London, United Kingdom and Department of Urban Studies, University of Glasgow, Glasgow, U.K.

El estudio de la variación en los patrones de distribución de la heterocromatina constitutiva y regiones organizadoras de nucleolo (NORs), en el cromosoma X de machos del saltamontes *Chorthippus parallelus* en 25 poblaciones de la península ibérica, nos conduce a revisar nuestra interpretación anterior de la biogeografía e historia evolutiva de esta especie.

La hibridación entre las subespecies *C.p. erythropus* y *C.p. parallelus*, supuestamente restringida a ciertas regiones pirenaicas, parece extenderse considerablemente en el interior de la península en dirección Noroeste. Por otra parte, se ha detectado la existencia de otra variante de cromosoma X que aparece prácticamente fijada en la mayoría de las poblaciones de este ortóptero en el centro y sur de España.

Nuestros resultados apuntan hacia el posible origen independiente de cada uno de los tres tipos parentales de cromosoma X descritos en la península ibérica, representando probablemente la variante nueva citada el morfotipo de cromosoma X ancestral de esta especie.

Los patrones de variación observados para estos caracteres aportan datos sobre el posible origen de la zona híbrida de este saltamontes en los Pirineos, y apuntan la eventualidad de que existan otras zonas de contacto de esta especie en España.

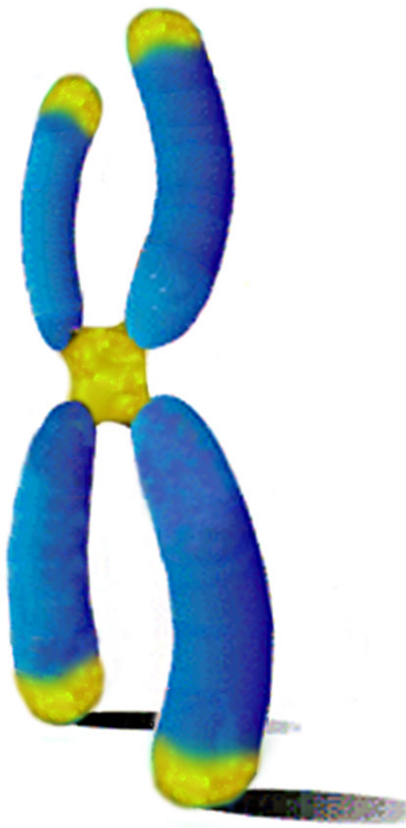
ANÁLISIS DE LAS POSIBLES CAUSAS DE SUSTITUCIÓN DE UN CROMOSOMA B NEUTRALIZADO POR OTRO PARASÍTICO, EN EL SALTAMONTES *Eyprepocnemis plorans*

MI Manrique-Poyato¹, AJ Muñoz-Pajares¹, V Loreto^{1,2}, MD López-León¹, J Cabrero¹ y JPM Camacho¹

¹ Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, 18071 Granada

² Unidade Acadêmica de Garanhuns, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Garanhuns, Brazil

Hemos analizado la frecuencia de cromosomas B durante tres años consecutivos, la tasa de transmisión a los niveles poblacional e individual, el tamaño de puesta, la fertilidad de huevos y la viabilidad embrión-adulto en una población natural del saltamontes *Eyprepocnemis plorans* donde coexisten dos variantes de cromosomas B: B₂ y B₂₄, siendo la segunda derivada de la primera y habiéndola reemplazado ya en algunas poblaciones. Entre 2002 y 2003 cambió ligeramente la frecuencia de ambas variantes, aunque la diferencia no alcanzó la significación estadística. Un análisis madre-hijos no detectó efecto significativo de los Bs en el tamaño de puesta, la fertilidad de huevos o la viabilidad embrión-adulto, pero B₂₄ fue transmitido más eficientemente que B₂ a través de los machos de 2002. Los cruzamientos controlados mostraron acumulación significativa para B₂₄ en algunas hembras, pero no para B₂, lo que sugiere que esta diferencia en transmisión por las hembras también podría ser importante para el proceso de sustitución. El análisis de la aptitud relativa de B₂ y B₂₄ para todos los componentes de fitness analizados, incluyendo la transmisión por ambos sexos, mostró una aptitud combinada significativamente mejor para los individuos portadores de B₂₄, lo que sugiere que el efecto acumulado de las pequeñas diferencias podría contribuir al proceso de sustitución de B₂ por B₂₄.



TERCERA SESIÓN

MODERADOR: TOMÁS NARANJO

LOCALIZACIÓN MEDIANTE FISH DE LOS GENES DE HISTONAS EN LA FAMILIA MYTILIDAE

C. Pérez-García, P. Mórán y JJ Pasantes

Facultad de Biología de la Universidad de Vigo. Lagoas-Marcosende, 36210 Vigo, Pontevedra

Los análisis citogenéticos realizados en la familia Mytilidae se limitan al conocimiento del cariotipo de una veintena de especies. Dado que las diferencias de tamaño y morfología entre los pares cromosómicos son mínimas y no es posible obtener patrones de bandas reproducibles, se hace necesario buscar marcadores moleculares que permitan distinguir de forma inequívoca cada par cromosómico siendo las secuencias alta y moderadamente repetidas unas candidatas idóneas.

En el género *Mytilus*, los genes de las histonas H4, H2B, H2A y H3 están repetidos en tándem y se localizan en dos pares cromosómicos de forma independiente a los genes de las de unión (H1).

Con el fin ampliar el conocimiento sobre la organización de los genes de histonas en la familia Mytilidae se decidió localizar mediante FISH los genes de histonas en *Perumytilus purpuratus* y *Brachidontes rodriguezii*. Para ello se obtuvieron preparaciones cromosómicas a partir del tejido branquial y gonadal de juveniles y se procedió a la detección de los genes H2A, H2B y H3 así como del ADNr 5S y 28S. En todos los casos, las sondas fueron amplificadas mediante PCR. Los cebadores utilizados fueron diseñados a partir de las secuencias de los genes H2A, H2B y H3 y del ADNr 5S que aparecen en el Genbank, mientras que en el caso del ADNr 28S se usó un par de cebadores universales.

En ambas especies los genes de histonas se localizan cerca de la región centromérica del brazo largo de un par submeta/subtelocéntrico de tamaño medio. Ahora bien, en *B. Rodriguezii* se detecta una segunda agrupación cercana a la región terminal del brazo largo de un par submeta/subtelocéntrico. Al igual que en el género *Mytilus*, los portadores de los genes de histonas no coinciden con los portadores de las dos familias génicas ribosomales.

EL COMPLEJO *Cassida viridis*: UN CASO DE ESPECIACIÓN CROMOSÓMICA (COLEOPTERA: CHRYSOMELIDAE).

José Antonio Jurado-Rivera y Eduard Petitpierre

Lab. Genètica, Dept. Biología, Universidad de les Illes Balears, 07122 Palma de Mallorca

Cassida viridis, una morfoespecie de amplia distribución paleártica, constituye en realidad un complejo de especies crípticas que difieren citogenéticamente como se ha demostrado en trabajos ya publicados. En Eslovaquia se encuentra un cariotipo de $2n=16$ cromosomas, en Cataluña y en Suiza otro de $2n=24$, y por último en Andalucía y en Algarve un tercero de $2n=30$. Para verificar si entre estas especies crípticas existen diferencias genéticas, aparte de las cariológicas, se han analizado dos fragmentos de los genes mitocondriales para ARN ribosómico 16S y Citocromo Oxidasa I con un total de 1339 nucleótidos secuenciados. Como las diferencias nucleotídicas para estos marcadores moleculares entre individuos procedentes de Eslovaquia, Cataluña, Algarve y Andalucía, resultaron ser mínimas, puede concluirse que el proceso de especiación cabe atribuirlo principalmente a reordenaciones cromosómicas que parecen ser de origen reciente ya que aún no han afectado a las secuencias de estos genes mitocondriales.

ESTUDIO DEL APAREAMIENTO MEIÓTICO EN HÍBRIDOS DE TRIGO DURO (*T. turgidum*) Y ESPECIES SILVESTRES RELACIONADAS

Marta Cifuentes, Virginia García y Elena Benavente

Dpto. Biotecnología. Unidad de Genética. ETSI Agrónomos

Cuando se produce un híbrido entre una especie cultivada y una silvestre relacionada, el potencial de transferencia estable de genes a la especie silvestre está directamente relacionado con la frecuencia de apareamiento homeólogo de la región en la que está localizado el gen en la especie cultivada.

Mediante la técnica GISH (Genomic *in situ* hybridization), se ha analizado el patrón de apareamiento en metafase I de varias combinaciones híbridas de trigo duro (*T. turgidum*) con las especies silvestres afines más extendidas en los países de la cuenca mediterránea, y, por tanto, más susceptibles de incorporar material genético del trigo por medio de fenómenos naturales de hibridación, que son: *Aegilops geniculata*, *Ae. neglecta* y *Ae. triuncialis*. Mediante esta técnica se han identificado los genomas A y B de trigo, y los cromosomas de las especies silvestres. Además, la combinación de las sondas de ADN genómico con la sonda de ADN ribosomal pTa71, que permite reconocer los cromosomas portadores de regiones organizadoras del nucleolo (NORs), ha servido para caracterizar el apareamiento de regiones cromosómicas específicas.

Se han detectado diferencias en el nivel y patrón de apareamiento intergenómico de las distintas combinaciones híbridas, aunque en todas ellas los cromosomas del genoma A aparean con más frecuencia con los de la especie silvestre que los cromosomas del genoma B de trigo

Esta tendencia general se mantiene en los segmentos cromosómicos específicos que se han analizado a pesar de las diferencias detectadas entre ellos, tanto a nivel de frecuencia como de patrón de asociación.

SATURANDO EL MAPA FISICO DE TRIGO CON MICROSATELITES

Milena Cardoso ^{1,3}, Maria Helena Zanettini ¹, Sandra Brammer ², Nicolás Jouve ³ y Angeles Cuadrado ³

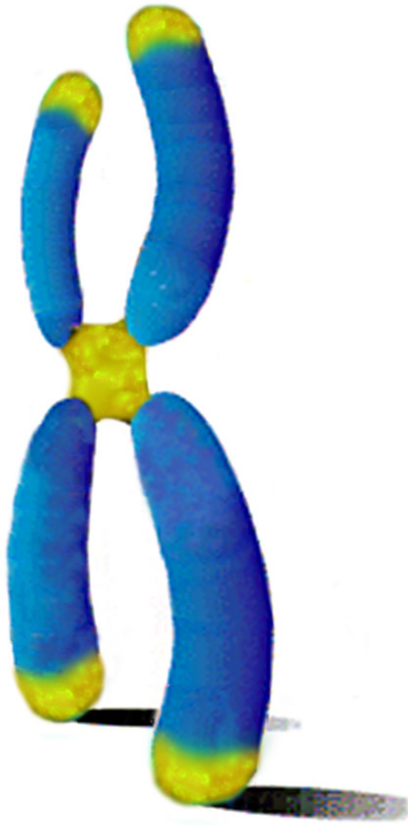
¹ Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, Brasil

² EMBRAPA Trigo, Passo Fundo, Brasil

³ Departamento de Biología Celular y Genética. Universidad de Alcalá, 28871 Madrid

La posibilidad de identificar cromosomas es extremadamente importante en estudios citogenéticos, tanto desde un punto de vista básico para poder determinar el comportamiento cromosómico, como aplicado, para seguir la segregación cromosómica en programas de mejora. En vegetales, secuencias repetitivas en tándem de distinta naturaleza son las utilizadas para la elaboración de mapas físicos, dado que las técnicas de hibridación *in situ* no permiten de forma generalizada la localización de secuencias de copia única. En trigo, los marcadores físicos generalmente utilizados en la identificación cromosómica, además de las secuencias ribosomales de 45S y 5S rDNA, son las sondas pSc119,2 que permite la identificación de los cromosomas del genomio B y pAs1 que identifica de forma individualizada los cromosomas del genomio D. Por el contrario no se dispone de una sonda que permita la identificación de los cromosomas del genomio A. La localización de algunas Secuencias Simples Repetidas (SSRs) o Microsatélites, como (AAC)_n, (AAG)_n, (AG)_n y (CAT)_n han resultado satisfactorias en la identificación de distintos cromosomas, fundamentalmente pertenecientes al genomio B. Con el objetivo de encontrar marcadores para los cromosomas del genomio A, presentamos en este trabajo los resultados de la localización física del conjunto de todos los posibles microsatélites de dos y tres nucleótidos, utilizando oligonucleótidos sintéticos. Con excepción de (AC)_n que se encuentra distribuido de forma dispersa a lo largo de todos los cromosomas de trigo, el resto de microsatélites presentan un patrón típico que permite la caracterización de numerosas regiones cromosómicas, saturando el mapa físico de trigo.

Financiación: CAPES – Brasil



CUARTA SESIÓN

MODERADOR: MARIA JESUS PUERTAS

IDENTIFICACION Y CARACTERIZACION DE DOS GENES QUE CODIFICAN PROTEINAS HETEROCROMATICAS EN *Sciara coprophila*

Patricia G. Greciano¹, Leonor Kremer², M^a Fernanda Ruiz¹, y Clara Goday¹

¹ Centro de Investigaciones Biológicas, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Ramiro de Maeztu 9, 28006 Madrid

² Protein Tools Unit, Centro Nacional de Biotecnología, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Darwin 3, Campus de Cantoblanco, 28049 Madrid

El género *Sciara* (O. *Diptera*, F. *Sciaridae*), constituye un ejemplo clásico de eliminación programada de cromosomas a lo largo del desarrollo. Este proceso está sometido a impronta genómica ya que los cromosomas que se eliminan son exclusivamente de origen paterno.

En *Sciara coprophila*, además del complemento cromosómico regular, existen otros cromosomas denominados cromosomas "L" (limited germline chromosomes) que están presentes exclusivamente en la línea germinal. Dichos cromosomas, que son de naturaleza heterocromática, son eliminados del soma en la embriogénesis temprana durante la separación de la línea germinal de la somática.

Se desconoce aún la organización de la heterocromatina del genoma de *S. coprophila*, tanto a nivel molecular como a nivel de proteínas específicas de heterocromatina. En el presente trabajo se han identificado dos genes de *S. coprophila*, que hemos denominado *schet1* y *schet 2* (*S. coprophila* heterochromatin), que codifican dos proteínas de tipo heterocromático. Dichas proteínas contienen un dominio conservado de unión a cromatina (cromodominio). Se ha determinado la organización molecular de ambos genes así como los patrones de expresión de los mismos a lo largo del desarrollo de *S. coprophila*. Se han generado anticuerpos específicos contra ambas proteínas y se ha estudiado su localización cromosómica mediante técnicas de inmunofluorescencia. Los resultados demuestran que las proteínas SCHET1 y SCHET2 se asocian a los cromosomas L y a regiones heterocromáticas en los cromosomas mitóticos y meióticos de *S. coprophila*.

ELEMENTOS TRANSPONIBLES EN HORMIGAS; POSIBLE PAPEL EN LA EVOLUCIÓN DEL DNA SATÉLITE

Martín Muñoz-López, Pedro Lorite y Teresa Palomeque

Área de Genética. Departamento de Biología Experimental. Universidad de Jaén. 23071 Jaén

Los elementos *mariner* son transposones de la clase II con un tamaño aproximado de 1.3 Kb, que cambian de sitio mediante replicación conservativa, en un movimiento de corte y empalme llevado a cabo por una transposasa codificada por el propio *mariner*.

En el género *Messor* el elemento *mariner* está asociado al DNA satélite, en cuyo monómero existen varios dinucleótidos TA en los que se inserta. Se han observado disposiciones anómalas del elemento *mariner*, que generan duplicaciones o deleciones en el sitio de integración, lo que puede relacionar a los elementos transponibles con la evolución de las secuencias del DNA satélite. Mediante PCR se han clonado secuencias que parecen haberse producido por la transposición conjunta de dos elementos *mariner* diferentes. Este proceso permitiría movilizar repeticiones de DNA satélite, tanto entre cromosomas homólogos como no homólogos, lo que les conferiría un papel fundamental en la homogeneización de secuencias y en definitiva en la evolución de las secuencias del DNA satélite.

Estos elementos *mariner* se han aislado y secuenciado en 11 especies de hormigas. En casi todas las especies algunos de los elementos *mariner* clonados presentan una ORF, que podría codificar una transposasa de 345 aa. La mayoría de las putativas transposasas conservan el dominio catalítico D₁D₂(34-35)D y otros motivos característicos y típicamente conservados de estas transposasas, como los motivos de señal de localización nuclear. Además no existen cambios en ninguna de las posiciones aminoacídicas consideradas esenciales para la actividad del enzima. Estos resultados sugieren que las transposasas podrían conservar su capacidad catalítica. Mediante RT-PCR se ha determinado que los elementos *mariner* se transcriben, lo cual apoyaría el hecho de que son genéticamente activos.

Hemos comenzado a analizar mediante hibridación *in situ* la distribución cromosómica de estos elementos transponibles. En algunas especies están especialmente concentrados en las regiones pericentroméricas, regiones heterocromáticas donde se localiza el DNA satélite. En otras especies, estos elementos, están extendidos a todo lo largo del cromosoma, sin presentar una localización determinada.

ESTUDIO DE POLIMORFISMOS A NIVEL DE HETEROCROMATINA PERICENTROMÉRICA EN HUMANOS MEDIANTE W-CGH (HIBRIDACIÓN GENÓMICA COMPARATIVA COMPLETA).

Miguel Pita, Martha I. Dávila-Rodríguez, Elva I. Cortés-Gutiérrez y Jaime Gosálvez

Unidad de Genética. Departamento de Biología. Universidad Autónoma de Madrid. C/Darwin nº 2. 28049 Cantoblanco, Madrid.

Las secuencias de ADN altamente repetido que se encuentran formando los bloques de heterocromatina en las regiones pericentroméricas de los cromosomas pueden presentar números de copias muy distintos entre dos individuos cualesquiera, generando así un polimorfismo de tamaño en determinados bloques de heterocromatina. Algunos cromosomas (particularmente 1, 9, 16 e Y) están descritos como altamente polimórficos para el tamaño de sus bloques de heterocromatina. En el presente trabajo empleamos W-CGH (Hibridación Genómica Comparativa Completa) con el fin de localizar y cuantificar los polimorfismos a nivel de heterocromatina constitutiva que se presentan con más frecuencia en humanos. La W-CGH es una técnica eficaz para localizar diferencias a nivel cromosómico existentes entre genomas de especies relacionadas filogenéticamente. Para llevar a cabo esta particular variante de la Hibridación *in situ* Fluorescente (FISH) se establece una competición entre dos sondas de DNA genómico, procedentes de los dos genomas a comparar, marcadas de modo que permitirán ser reveladas con fluorocromos que emitan en distintas longitudes de onda. El resultado de esta "competición" entre las sondas se traduce en una hibridación diferencial de éstas sobre una placa metafísica, de manera que los resultados observados nos informan de sobre la abundancia relativa de las secuencias de ADN altamente repetido en los dos genomas en estudio. Es una herramienta idónea para encontrar de forma sencilla y directa todas las diferencias existentes entre los individuos comparados a nivel de heterocromatina constitutiva, y por tanto para poner de manifiesto a nivel poblacional los polimorfismos más frecuentes.

HIBRIDACIÓN GENÓMICA COMPARATIVA COMPLETA (W-CGH) EN EL GÉNERO *Ovis*

M.I. Dávila- Rodríguez¹, E.I. Cortés-Gutiérrez¹, M. Pita, J.L. Vázquez-Hernández², C López-Fernández¹, J. Gosálvez¹

¹ Unidad de Genética. Departamento de Biología. Universidad Autónoma de Madrid. C/Darwin nº 2. 28049 Cantoblanco. Madrid

² Ovigen. Centro de Selección y Mejora Genética de Ovino y Caprino de Castilla y León Ctra. Villalazán - Peleagonzalo 49800 Toro. Zamora

La W-CGH (*Whole-Comparative Genomic Hybridization*) es una técnica que revela diferencias en la amplificación relativa de secuencias de ADN y especialmente en las regiones que contienen ADN altamente repetido al comparar dos genomas distintos. La técnica es operativa cuando se confrontan genomas muy relacionados (misma especie) o relativamente relacionados (razas, subespecies). En el presente trabajo se utilizó esta técnica para establecer las posibles semejanzas y/o diferencias que existen entre distintas razas del género *Ovis*. Los animales integrados en este género presentan un cariotipo diploide que varía de 52 a 58 cromosomas, teniendo la posibilidad de reproducirse entre ellos y generar crías fértiles. Las razas de oveja doméstica (*Ovis aries*) utilizadas en el presente estudio fueron *Castellana*, *Assaf*, *Churra* y *Lacaune*. El muflón (*Ovis musimon*), se utilizó como patrón, ya que se trata de un ovino salvaje que se considera ancestro de la oveja doméstica y de él han surgido aproximadamente 450 razas extendidas actualmente por todo el mundo. Los resultados que se obtuvieron tras la aplicación de la W-CGH para la localización de las diferencias existentes entre cuatro razas de oveja doméstica con el muflón europeo, muestran una gran homogeneidad en todas las secuencias de ADN repetido localizadas en las regiones pericentroméricas de todos los cromosomas. Tan sólo la raza *Assaf* muestra regiones diferencialmente amplificadas que implican a varios pares cromosómicos. El cromosoma Y presenta una gran homogeneidad entre todas las razas.

DIFERENCIAS EN LA CONSTITUCIÓN DE LOS *KNOBS* EN LÍNEAS DE MAÍZ SELECCIONADAS PARA ALTA Y BAJA TASA DE TRANSMISIÓN DE CROMOSOMAS B

Miriam González-García, Mónica González Sánchez, Juan Manuel Vega y María Jesús Puertas

Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, José Antonio Novais 2, 28040 Madrid

Se han utilizado líneas de alta (H) y baja (L) tasa de transmisión de Bs por vía femenina en maíz. En trabajos previos se demostró que el control de la transmisión actúa a nivel diploide, siendo dominante el "alelo" responsable de la baja transmisión. Determinamos que este alelo provoca la pérdida del B durante la meiosis. Asimismo, se observaron inestabilidades cromosómicas en las células del tapete, más frecuentes en presencia de 1 B, en la línea L y en los híbridos. En el presente trabajo se ha estudiado, mediante FISH, la relación entre la transmisión de los Bs y la constitución de los *knobs* en la meiosis de plantas de las líneas H y L, utilizando tres sondas:

- pZmBs, específica de la región centromérica del B de maíz.
- pZm4-21, repetición de 180 pb presente en los *knobs* de maíz.
- TR-1, repetición de 359 pb, presente en algunos *knobs* en proporciones diferentes de la pZm4-21.

Se ha observado que el B está integrado con los As en metafase I en mayor proporción en la línea H. La sonda pZmBs ha permitido ver si el centrómero se encuentra orientado hacia un polo anafásico, frente a las que aparece redondeado sin orientar. Se demuestra que las líneas H y L difieren en cuanto a la constitución de los *knobs*. En H existen dos pares cromosómicos con gran señal de TR-1, mientras que en la línea L hay tres. Por el contrario, hay cinco pares cromosómicos con señal de pZm4-21 en la línea H y cuatro en L. Parece que la pérdida del B podría estar relacionada con la presencia de un *knob* inestable con la secuencia pZm4-21, ausente en la línea H. La inestabilidad en los *knobs* puede hacer que el cromosoma B, que también posee un *knob* con pZm4-21, se vea afectado.

TRANSFERENCIA AL MAÍZ DE FRAGMENTOS GRANDES DE DNA y LOCALIZACIÓN CROMOSÓMICA DE LOS LUGARES DE INSERCIÓN MEDIANTE FISH

J.M. Vega^{1,2}, W. Yu¹, A. Kato¹, F. Han¹, E. Peters¹ y J.A. Birchler¹

¹ University of Missouri-Columbia, Department of Biological Sciences, Columbia, MO-65211, USA

² Dpto. de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid

Las técnicas actuales de transformación, permiten la introducción de pocos genes en el genoma de las plantas. La transferencia de fragmentos grandes permitiría introducir múltiples genes simultáneamente, rutas metabólicas completas, o transformar insertos grandes de bibliotecas genómicas para identificar genes de interés. Aquí presentamos la tecnología BIBAC (*binary bacterial artificial chromosome*) para transferir al maíz un T-DNA de 50kb. El T-DNA del vector BIBAC original se modificó, clonando en la frontera izquierda el gen *bar*, que confiere resistencia al herbicida "Bialaphos" y permite la selección de cultivos transgénicos, y en la derecha el gen de la recombinasa Cre, que cataliza la recombinación específica entre secuencias *lox*. Entre estos marcadores se han clonado 35kb de DNA genómico de levaduras, consiguiendo el vector pJV21, con un T-DNA de aproximadamente 50kb. Este vector se transfirió a la línea LBA4404 de *Agrobacterium tumefaciens*, que fue empleada en la infección de embriones inmaduros de maíz. Tras la selección con Bialaphos se obtuvieron 75 líneas transgénicas de maíz, que se cultivaron y cruzaron en invernadero. Para determinar el número de copias del T-DNA transferidas se utilizaron sondas de *bar* y *Cre* en hibridación Southern. Se obtuvieron 64 líneas con una copia, 9 con dos y 2 con tres copias. La localización cromosómica de los lugares de inserción se visualizó mediante FISH utilizando una sonda del DNA de levaduras. Usando esta sonda en combinación con una mezcla de sondas que identifican todos los cromosomas de maíz, se confirmó la distribución al azar de los lugares de inserción del T-DNA entre los 10 cromosomas. También, se analizó la transmisión y expresión de *Cre* como indicador de la estabilidad del T-DNA integrado. Para ello, los embriones de maíz resultantes de cruzamientos de las líneas transgénicas se bombardearon con un plásmido que lleva el cDNA *antisense* de la proteína GUS flanqueado por dos secuencias *lox* orientadas en sentidos opuestos. En el 90% de las líneas bombardeadas se observaron embriones azules resultantes de la expresión transitoria de GUS. En estas líneas, Cre es funcional y recombina las dos secuencias *lox*, dando lugar a una inversión y por lo tanto a la expresión correcta de GUS.

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LA ORGANIZACIÓN DE SECUENCIAS SIMPLES REPETIDAS (SSRs) EN LOS CROMOSOMAS DEL HOMBRE, CEBADA Y *Drosophila*

Ángeles Cuadrado y Nicolás Jouve

Departamento de Biología Celular y Genética. Universidad de Alcalá, 28871 Madrid

Un porcentaje significativo del genoma de los eucariotas consiste en Secuencias Simples Repetidas (SSRs) o Microsatélites. Se trata de unidades de repetición cortas, de 1 a 5 nucleótidos, distribuidos por todo del genoma y con una elevada tasa de variación en cuanto al número de repeticiones, incluso a escala individual. A pesar de la amplia utilización de este tipo de secuencias en estudios evolutivos y como marcadores genéticos para la elaboración de mapas en la mayoría de las especies, incluido la especie humana, poco se sabe sobre la organización a escala cromosómica de la organización de este tipo de secuencias repetidas, incluso en organismos donde prácticamente todo su genoma esta secuenciado. Si el número de repeticiones en tandem supera el umbral de resolución de las técnicas de hibridación *in situ*, se puede determinar su distribución y organización a escala cromosómica. En este trabajo hemos llevado a cabo el análisis de la distribución cromosómica de 3 de los 4 posibles dinucleótidos: (AC)_n (AT)_n y (AG)_n y 9 de los 10 posibles trinucleótidos: (CAC)_n, (AGG)_n, (AAG)_n, (AAC)_n (AAT)_n, (ACT)_n, (CAT)_n, (ACG)_n, (CAG)_n en metafases mitóticas humanas y de cebada, y en cromosomas politénicos de *Drosophila melanogaster*, utilizando oligonucleótidos sintéticos de entre 15-24 bases, mediante hibridación *in situ* con fluorescencia. Los resultados demuestran que cada especie es única en cuanto a la presencia/ausencia, abundancia y distribución cromosómica de los distintos SSRs. La mayoría de los microsatélites se localizan en posiciones concretas con excepción de (AC)_n que se distribuye homogéneamente por todos los brazos cromosómicos en las tres especies analizadas. Por ejemplo (AG)_n se localiza en el brazo corto de los cromosomas acrocéntricos 13, 14, 15, 21 y 22 en la especie humana, mientras que este microsalitélite presenta una localización centromérica en cebada.

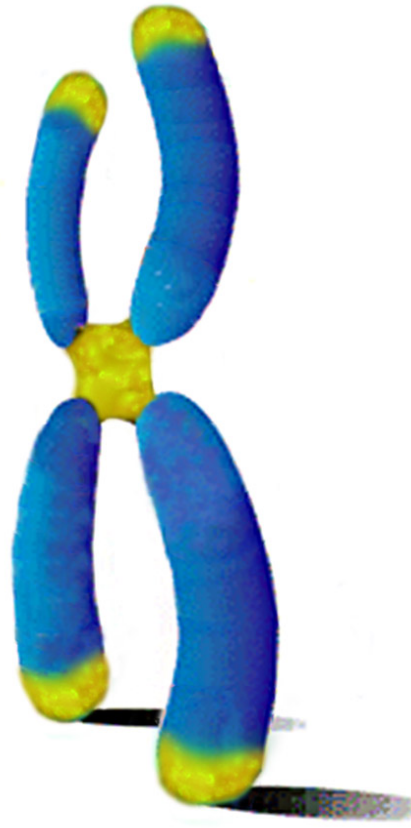
Esta investigación ha sido financiada por el proyecto AGL2003-08128-C02.

NUEVAS APORTACIONES A LA CITOTAXONOMÍA Y EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA DE LA SUBFAMILIA *CHRYSOMELINAE* (COLEOPTERA, *CHRYSOMELIDAE*)

Eduard Petitpierre

Laboratorio de Genética, Departamento de Biología, Universidad de las Islas Baleares, 07122 Palma de Mallorca

Se ha estudiado el número cromosómico y la determinación cromosómica del sexo en 242 especies pertenecientes a 36 géneros de *Chrysomelinae*, que corresponden respectivamente a un 8% y a un 26,5% de los descritos. El rango de variación en el número haploide es muy amplio, desde $N=6$ a $N=25$ aunque la mayoría de las especies presentan el tipo de asociación de los cromosomas sexuales en "paracaídas" (Xy_p), en metafase I de la meiosis. Cada tribu o subtribu de este táxon manifiesta un valor modal, en *Timarchini* es $N=10$ (54% de las especies), en *Chrysolinina* $N=12$ (40%), en *Paropsina* también $N=12$ (92%), en *Entomoscelina* $N=13$ (60%) aunque con muy pocas especies estudiadas, y en *Chrysomelina* $N=17$ (69%). Estos datos concuerdan con los tres tipos principales de larvas que existen en esta subfamilia. La hipótesis de evolución cromosómica que propusimos hace ya más de 20 años, se centraba en el papel básico ejercido por las fisiones céntricas y por las inversiones pericéntricas, como cambios cromosómicos explicativos del incremento en el número haploide y a la vez de la prevalencia de cromosomas metacéntricos. Así, la mayor parte de los cromosomas acrocéntricos originados por aquellas fisiones, revertirían a la condición primordial metacéntrica por efecto de las inversiones pericéntricas. Este hipotético proceso de incremento en el número haploide desde $N=10$, el presunto valor ancestral de los coleópteros, a $N=12$, y de este a $N=17$, comporta una tendencia hacia un mayor grado de simetría en el tamaño de los cromosomas, apreciable principalmente en los cariotipos de números cromosómicos altos ($N>15$). Sin embargo, el examen de nuevos cariotipos, y sobre todo, los datos de las filogenias moleculares, aún cuando sean por ahora muy preliminares, nos obligan a matizar las conclusiones derivadas de estos resultados citogenéticos.



QUINTA SESIÓN

MODERADOR: JOSÉ L. BELLA

EL COMPLEJO SINAPTONÉMICO: MEDIO SIGLO DE HISTORIA

Julio S. Rufas

Unidad de Biología Celular, Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid.
Cantoblanco, 28049 Madrid

El complejo sinaptonémico (CS) es una estructura proteica y tripartita que, en la mayoría de los eucariotas, mantiene a los cromosomas homólogos íntimamente asociados durante algunos estadios de la profase de la primera división meiótica (Fawcett 1956; Moses 1956). La morfología del CS es bastante similar en la mayoría de los organismos estudiados y consiste en dos ejes proteicos (elementos laterales, ELs), uno por cada par de cromátidas hermanas, y numerosos filamentos transversales que conectan ambos ejes. En la región media y equidistante de los ELs se observa una tercera estructura densa a los electrones denominada elemento central. Sin embargo, las proteínas que forman parte de dicha estructura parecen menos conservadas siendo, en cierto modo sorprendente, el escaso número de ellas que han sido identificadas. En estos cincuenta años, el análisis de la morfología y de los elementos cromosómicos no cromatínicos asociados al CS ha permitido el desarrollo de la citogenética estructural y ultraestructural de la meiosis.

El papel que desempeña el CS en la meiosis sigue siendo controvertido ya que en algunas especies su formación es un prerrequisito para la existencia de recombinación y en otras, sin embargo, es perfectamente prescindible. Recientemente, también se ha puesto en duda su histórica relación con la distribución no al azar de los quiasmas en los bivalentes, interferencia positiva. Por otro lado, en algunos organismos el CS podría asegurar la correcta segregación de los cromosomas homólogos en ausencia de recombinación. El análisis fenotípico de mutantes defectivos para proteínas que forman parte de los elementos axiales/laterales, para cohesinas o para filamentos transversales ayuda a clarificar, al menos en parte, las cuestiones planteadas.

PARTICIPANTES

Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC

Ramiro de Maeztu 9. 28006 Madrid.

Patricia G. Greciano (patriciagg@cib.csic.es)

Universidad Autónoma de Madrid

Departamento de Biología. Facultad de Ciencias. C/ Darwin 2. 28049 Madrid.

José Luis Bella Sombría (bella@uam.es)

Elva I. Cortés Gutiérrez (elvacortes@cibinmty.net)

Martha I. Davila Rodríguez

Roberto de la Fuente Pita (roberto.delafuente@uam.es)

Miguel Pita Domínguez (miguel.pita@uam.es)

Jonás Sarasa Marcuello (jonas.sarasa@hotmail.com)

Universidad Autónoma de Madrid

Unidad de Biología Celular. Departamento de Biología. Cantoblanco 28049. Madrid

Julio Sánchez Rufas (julio.s.rufas@uam.es)

Universidad Complutense de Madrid

Departamento de Genética. Facultad de Biología. José Antonio Novais sn. 28040 Madrid

Eduardo Corredor Molguero (runaway@bio.ucm.es)

Nieves Cuñado Rodríguez (nicuna@bio.ucm.es)

Miriam González García (myr_glez@hotmail.com)

Mónica González Sánchez (mgs@ucm.es)

Tomas Naranjo Pompa (toranjo@bio.ucm.es)

Mónica Pradillo Orellana (pradillo@bio.ucm.es)

María Jesús Puertas Gallego (majetas@bio.ucm.es)

Concepción Romero Martínez (romero@bio.ucm.es)

Juan Luis Santos Coloma (jlsc53@bio.ucm.es)

Juan Manuel Vega Melero (vegajuanma@bio.ucm.es)

Alberto Viera Vicario (alberto.viera@uam.es)

Universidad de Alcalá de Henares

Departamento de Biología Celular y Genética. Campus Universitario. 28771 Alcalá de Henares.

Milena Cardoso (milenabcardoso@yahoo.com.br)

Ángeles Cuadrado Bermejo (angeles.cuadrado@uah.es)

Nicolás Jouve de la Barrera (nicolas.jouve@uah.es)

Universidad de Almería

Departamento de Biología Aplicada. Escuela Politécnica Superior. 04120 Almería.

Manuel Jamilena Quesada (mjamille@ual.es)

Beatrice Mariotti (bmariott@ual.es)

Universidad de Granada

Departamento de Genética. Facultad de Ciencias. Avda. Fuentenueva s/n. 18071 Granada.

Maria Inmaculada Manrique Poyato (mpoyato@ugr.es)

Universidad de Jaén

Departamento de Biología Experimental. Área de Genética. Campus de las Lagunillas s/n. 23071 Jaén.

Manuel Jesús Acosta López (mjacosta@ujaen.es)

Mónica Bullejos Martín (bullejos@ujaen.es)

Pedro Lorite Martínez (plorite@ujaen.es)

Martín Muñoz López (mmlopez@ujaen.es)

Teresa Palomeque Messía (tpalome@ujaen.es)

Antonio Sánchez Baca (abaca@ujaen.es)

Universidad de las Islas Baleares

Laboratorio de Genética. Departamento de Biología. Universidad de las Islas Baleares. 07122 Palma de Mallorca

Eduard Petitpierre Vall (dbaepv@uib.es)

Universidad de Vigo

Facultad de Biología. 36210 Vigo. Pontevedra.

M^a Concepción Pérez García (cpegar@uvigo.es)

Universidad de Würzburg

Department of Human Genetics, Biocenter, Germany

Michael Schmid

Universidad Politécnica de Madrid

Departamento de Biotecnología. Unidad de Genética. ETSI Agrónomos. Ciudad Universitaria. 28040 Madrid.

Marta Cifuentes Ochoa (martacifuentes@yahoo.es)



Facultad de Ciencias Experimentales
Universidad de Jaén



Excelentísimo Ayuntamiento de Cazorra

