

Análisis de dos familias de ADN satélite en el Género *Muscari*

F. Robles, R. De la Herrán, A. García-Zea, R. Navajas-Pérez, C. Ruiz Rejón

Departamento de Genética. Facultad de Ciencias. Universidad de Granada. 18071 Granada.

El género *Muscari* está compuesto por plantas bulbosas pertenecientes a la familia Hyacintaceae que se divide en cuatro subgéneros según sus características morfológicas y cariotípicas (*Botryanthus*, *Pseudomuscari*, *Muscari* y *Leopoldia*).

En estudios previos (De la Herrán *et al.*, 2001) se caracterizó una familia de ADN satélite MCSAT a partir del genoma de *Muscari comosum* y se relacionó su presencia y abundancia con la evolución asimétrica del cariotipo de algunas especies de este género. Así, esta familia de ADN satélite se localiza en el cromosoma 1 de *M. comosum*, *M. matritensis* y *M. cycladicum* (subgénero Leopoldia) en posición intersticial pero con señales de hibridación decrecientes en función de la asimetría del cariotipo (de mayor a menor en el orden mencionado de las especies). Adicionalmente, se ha comprobado que MCSAT se encuentra también presente en todos los cromosomas de estas especies en posición pericentromérica (Ávila *et al.*, 2015).

En este trabajo hemos analizado mediante hibridación *in situ* la presencia de MCSAT en otras especies del género revelando una localización pericentromérica (*M. armeniacum*, *M. cazorlanum*) o subtelomérica (*M. macrocarpum*, *M. pseudomuscari*). La presencia de MCSAT en diferentes localizaciones cromosómicas podría estar relacionada con su origen a partir de un retrotransposón tipo MITE (Ávila *et al.*, 2015).

Además, hemos realizado una cuantificación de MCSAT mediante PCR cuantitativa en especies de los diferentes subgéneros. Este análisis ha permitido poner de manifiesto la presencia de esta familia en todas las especies analizadas aunque con diferente grado de abundancia, confirmando los resultados obtenidos por hibridación *in situ*.

Hemos caracterizado una segunda familia de ADN satélite (CL1) obtenida mediante análisis con RepeatExplorer de secuencias

procedentes de NGS de *M. cazorlanum*. Tras diseño de cebadores, hemos podido amplificar esta familia en todas las especies analizadas. En las especies *M. pseudomuscari*, *M. neglectum*, *M. cazorlanum*, *M. armeniacum* y *M. dionysicum* se observó un patrón de escalera demostrando su organización en clusters. Por otro lado, las especies *M. parviflorum*, *M. macrocarpum*, *M. comosum*, *M. cycladicum* y *M. matritensis* mostraron una única banda amplificada no presentando clusterización. En las especies con CL1 clusterizadas, las hibridaciones *in situ* mostraron una localización centromérica de este repetido, mientras que en las especies no clusterizadas no se observaron señales de hibridación. Por último, hemos realizado la cuantificación de CL1 mediante PCR cuantitativa, coincidiendo una mayor abundancia de esta familia CL1 en aquellas especies en las que está clusterizada.

Se discute las características de estas dos familias MCSAT y CL1 en cuanto a localización y abundancia en la evolución cariotípica de estas especies.

Los resultados obtenidos en este trabajo han sido financiados por el proyecto PP2012-PI12 del Plan Propio de Investigación de la Universidad de Granada.