

Análisis de la evolución de los cromosomas sexuales en *Rumex acetosa* mediante el estudio del ADN satélite

M. A. Garrido-Ramos¹, R. Navajas-Pérez¹, R. de la Herrán¹, M. Jamilena², R. Lozano², C. Ruiz Rejón¹, M. Ruiz Rejón¹

¹Departamento de Genética; Facultad de Ciencias; Universidad de Granada; 18071 Granada. ²Departamento de Biología Aplicada; Área de Genética; Escuela Politécnica Superior; Universidad de Almería; 04120 Almería

Existe la hipótesis de que los cromosomas sexuales han aparecido varias veces a lo largo de la evolución a partir de una pareja de autosomas, tanto en animales como en plantas. Una vez establecidos los genes que determinan el sexo en estos cromosomas, la reducción en la frecuencia de entrecruzamientos entre ellos impediría la recombinación entre los loci implicados en la determinación sexual, lo que conduciría a la divergencia entre sus genes y desembocaría en una pérdida de función de los alelos del cromosoma Y, y finalmente, a una compensación de dosis génica. Esta divergencia molecular entre los cromosomas X e Y puede ir acompañada de una acumulación de secuencias repetidas y, por tanto, de una heterocromatinización de los cromosomas Y. Dado su origen reciente, entre las plantas dioicas, existen ejemplos de los distintos estadios en la evolución de los cromosomas sexuales. Así, especies como el espárrago, muestran lo que podríamos denominar proto-cromosomas sexuales, mientras que *Silene latifolia* muestra un cierto grado de diferenciación genética entre el cromosoma X y el Y, y *Rumex acetosa* se caracteriza por presentar un elevado grado de degeneración de los cromosomas Y (en *Rumex acetosa* las hembras son $2n=12+XX$ mientras que los machos presentan dos cromosomas Y, $2n=XY_1Y_2$). En esta especie hemos analizado comparativamente más de diez monómeros de cada una de tres familias de ADN satélite presentes en su genoma: la familia RAYSI, específica de los cromosomas Y; la familia R180 presente en los cromosomas Y y en un par de parejas de autosomas; y la familia R730, componente principal de un segmento supernumerario polimórfico en diversas poblaciones y fijado en una pareja de autosomas en la población analizada. Presentamos un análisis evolutivo de estos ADN satélites comparando los niveles de variabilidad existentes en las secuencias presentes en los cromosomas Y con respecto a las presentes en autosomas, sus niveles de homogenización y las relaciones entre las distintas familias de ADN satélite. Todos estos datos, y los de otras especies dioicas y hermafroditas de *Rumex*, son utilizados para obtener conclusiones acerca del origen y evolución de los cromosomas sexuales de *R. acetosa*.