

CA

CITOGENÉTICA
ANIMAL

ANIMAL
CYTOGENETICS

CA 1

PRIMERAS EVIDENCIAS DE DIFERENCIACIÓN DE CROMOSOMAS SEXUALES EN *Anastrepha fraterculus* DEL PERÚ MEDIANTE TINCIÓN SECUENCIAL DAPI/CMA

Giardini M.C.¹, M. Nieves², E. Cancio-Martínez³, F.H. Milla¹, M.F. Fourastié⁴, G.E. González⁴, M.T. Vera³, K. Bourtzis³, S.B. Lanzavecchia¹. ¹Instituto de Genética, INTA, Argentina; ²Grupo de estudios en Arquitectura Genómica de Mamíferos (arGENma), CEMIC-CONICET, Argentina; ³Insect Pest Control Laboratory, International Atomic Energy Agency (IPCL-IAEA), Austria; ⁴Laboratorio de Citogenética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, Buenos Aires, Argentina. giardini.maria@inta.gob.ar

La mosca sudamericana de la fruta, *Anastrepha fraterculus* (Diptera: Tephritidae), es un ejemplo paradigmático de un complejo de especies crípticas parcialmente resuelto. A partir de características morfológicas, se han identificado ocho morfotipos, validados por estudios genéticos y comportamentales, distribuidos desde México hasta el norte y centro de Argentina. Este estudio presenta resultados preliminares del análisis cariotípico de larvas de tercer estadio de *A. fraterculus* provenientes de Cusco y Piura (Perú), mantenidas como colonias de laboratorio. El objetivo fue describir el cariotipo mitótico de ambas colonias. Se analizaron diez preparados mitóticos por colonia, obtenidos a partir del ganglio cerebral de larvas, utilizando tinción secuencial DAPI/CMA₃, que permite identificar regiones cromatínicas ricas en AT y GC, respectivamente. En ambas colonias se observó un número diploide de $2n=12$ (10 autosomas+XX/XY). Si bien los cromosomas X y los autosomas no mostraron diferencias detectables, se observaron variaciones en los patrones de bandas DAPI del cromosoma Y. La heterocromatina del par sexual está enriquecida en regiones AT, sin bloques CMA₃ positivos. En la colonia de Cusco, el cromosoma Y presenta un bloque DAPI+ en el extremo proximal que, en ocasiones, parece corresponder a una constricción secundaria. Estos hallazgos sugieren cariotipos diferenciados y respaldan la hipótesis de que podrían tratarse de morfotipos distintos dentro del complejo *A. fraterculus* en Perú. El enfoque citogenético empleado aporta información valiosa sobre la diversidad genética y estructura poblacional de esta plaga cuarentenaria, con implicancias relevantes para su monitoreo y control mediante manejo integrado.

CA 2

CAMBIOS EN LA DINÁMICA DEL GENOMA DE *Sapajus cay* Y *Macaca fascicularis* (PRIMATES) POR EXPOSICIÓN *IN VITRO* A AGROQUÍMICOS

Nieves M.^{1,2}, E.O. Ferreras^{1,2,3}, A.G. Cardozo^{2,4}, Z. Rodríguez Harambillet^{4,5}, M. Sampaoli^{4,5}, A.D. Bolzán^{2,4,5}, N.B. Andrioli³. ¹Grupo de estudios en Arquitectura Genómica de Mamíferos (arGENma), CEMIC-CONICET, Argentina; ²CONICET, Argentina; ³Grupo de Investigación en Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, UBA-CONICET, Buenos Aires, Argentina; ⁴Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, CONICET-UNLP-CIC, La Plata, Buenos Aires, Argentina; ⁵Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina. mariela.nieves5@gmail.com

En este estudio se investigó la respuesta del genoma de *Sapajus cay* (Platyrrhini) y *Macaca fascicularis* (Catarrhini), por interacción con los agentes químicos Zineb (ZNB) y Tiabendazol (TBZ), agroquímicos cuyos efectos genotóxicos sobre linfocitos humanos están ampliamente documentados en el contexto de su potencial exposición. Se cultivaron linfocitos de sangre periférica de cuatro individuos por especie, con exposición a tres concentraciones de cada agroquímico, control negativo (DMSO) y positivo (Bleomicina). Se analizaron los biomarcadores citogenéticos índice mitótico (IM) y aberraciones cromosómicas (AC), incluyendo análisis específicos de telómeros y centrómeros. Los resultados mostraron un aumento en el IM y la frecuencia de AC en ambas especies a concentraciones intermedias. En *M. fascicularis* se observó una mayor frecuencia de dicéntricos y alteraciones en las señales teloméricas que en *S. cay*. El tipo de ruptura cromosómica observado sugirió que el TBZ actúa antes de la fase S del ciclo celular, mientras que el ZNB lo hace después (aunque las aberraciones teloméricas predominantes en *M. fascicularis* indicaron acción post-fase S para ambos). La heterocromatina en *S. cay* otorgaría mayor estabilidad genómica frente a la injuria, en comparación con el genoma de *M. fascicularis*, cuya respuesta en la proliferación celular y el tipo de AC observadas es compatible con la del genoma humano. Estos hallazgos resaltan la relevancia de analizar los cambios especie específicos en la dinámica genómica frente a la injuria y su consecuencia en la arquitectura cromosómica.

CA 3

ESTUDIOS CROMOSÓMICOS EN *Ctenomys* DEL CENTRO DE ARGENTINA (RODENTIA: CTENOMYIDAE)

Fernández M.A.S.¹, C.A. Labaroni¹, N.L. Alovatti², S.M. Gonzalez², R.H. Sanchez², M.A. Previtali^{2,3}, I.H. Tomasco⁴, C. Lanzone¹.

¹Instituto de Biología Subtropical (IBS) nodo Posadas, Universidad Nacional de Misiones-CONICET, Argentina;

²Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CCT-Santa Fe, Argentina; ⁴Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. milifernandez080417@gmail.com

Ctenomys tiene gran variación cromosómica, con números diploides (2n) de 10 a 70 y número fundamental autosómico (NFa) de 16 a 90. En la provincia de Santa Fe se reportaron dos especies: *C. "yolandae"* (2n=50/NFa=67-74) y *C. argentinus* (2n=44/NFa=50-52), aunque se estudiaron pocos individuos y poblaciones. Aquí analizamos ejemplares de distintas poblaciones de Santa Fe para contribuir a entender la evolución cromosómica del grupo. Mediante tinción convencional con Giemsa, bandeó-C y fluorocromos DAPI/CMA₃ estudiamos individuos (N=10) de cinco localidades. El cariotipo de los ejemplares de Cayastá, Alejandra y Desvío Arijón fue 2n=50/NFa=68; en Paraje El Gusano encontramos 2n=50/NFa=69 con un par heteromórfico mediano; en La Brava detectamos 2n=50-51/NFa=67-68 debido a una translocación robertsoniana inestable. Las variaciones en el NFa coincidieron con lo reportado previamente. El bandeó-C reveló alto contenido de heterocromatina constitutiva (HC), con bloques en la mayoría de los brazos cortos de los autosomas bibrachiados y en las regiones pericentroméricas de los acrocéntricos. Los fluorocromos mostraron que estas regiones tienen una composición heterogénea. Las variantes detectadas se deben a la adición/delección de HC. El 2n=50 y las variaciones encontradas indican que los ejemplares corresponden a *C. "yolandae"*. La HC es importante en su evolución cromosómica, como ocurre en otras especies del grupo *mendocinus* al que pertenece.

CA 4

DESARROLLO DE UNA Sonda ESPECÍFICA DE 18S ADNr PARA FISH EN AVES

Machado L.O.¹, F.P. Torres¹, V.O. Rosso², L.P. Rodrigues¹, H.S. Salau¹, T.C. Koscrevic³, R.J. Gunsli¹, A.D.V. Garnerio¹.

¹Universidade Federal do Pampa, Brasil; ²Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Brasil; ³Universidade Federal de Santa Maria, Brasil. lillianmachado.aluno@unipampa.edu.br

Los genes de ARN ribosomal (ADNr) forman regiones con múltiples repeticiones en tándem en el genoma y son esenciales para la biogénesis de los ribosomas. Debido a su importancia y conservación, estas secuencias se utilizan ampliamente en estudios taxonómicos y evolutivos, especialmente en mapeos cromosómicos. Aunque es común el uso de sondas inespecíficas en experimentos de FISH en vertebrados, este trabajo tuvo como objetivo desarrollar una sonda específica para el gen 18S ADNr en aves, con potencial de aplicación en distintos órdenes, aportando a análisis citogenéticos más precisos. Se recolectaron secuencias exclusivas de 18S ADNr de genomas aviares del NCBI, que fueron alineadas para identificar regiones conservadas utilizadas en el diseño de cebadores. Se seleccionaron 275 secuencias de 52 especies pertenecientes a 28 familias. La validación *in silico* fue realizada con BLASTn, y el par de oligonucleótidos sintetizado generó un amplicón de 1.195 pb. La PCR fue probada en 15 especies de nueve órdenes diferentes, observándose amplificación en todas las muestras. El amplicón de *Gallus gallus* fue purificado, clonado y secuenciado, confirmando su identidad como ADNr 18S aviar. La eficacia de la sonda fue evaluada mediante FISH en seis especies (cinco passeriformes y un cuculiforme) de cinco familias distintas. La hibridación confirmó la localización de las regiones organizadoras del nucléolo (NORs) en micro y macrocromosomas. Los resultados demuestran el potencial de esta sonda específica para estudios citogenéticos y evolutivos en aves.

CA 5

CARACTERIZACIÓN DEL ADN SATÉLITE EN LOS CROMOSOMAS B DE *Oreobates barituensis* (ANURA, CRAUGASTORIDAE)

Acosta L.S.¹, F. Burgos², F.B.C. Haddad³, D. Baldo¹, J.M. Ferro¹.

¹Instituto de Biología Subtropical, Universidad Nacional de Misiones – CONICET, Misiones, Argentina; ²Instituto de Ecorregiones Andinas, Universidad Nacional de Jujuy – CONICET, Jujuy, Argentina; ³Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Campus de Rio Claro, São Paulo, Brasil. solangeacosta991@gmail.com

El género de ranas *Oreobates*, exclusivo de Sudamérica, incluye tres especies en Argentina, una de ellas es *O. barituensis*, distribuidas en los bosques subandinos de la provincia de Jujuy. Todas las especies estudiadas hasta el momento, comparten cariotipos diploides $2n=22$ (NF=44). En *O. barituensis* se identificaron dos tipos de cromosomas B: uno grande telocéntrico (Bt) enriquecido en ADN ribosomal (ADNr) y otro pequeño subteloicéntrico (Bst). Los cromosomas B son elementos adicionales al complemento cromosómico estándar, que se originan a partir de ellos. En anuros, su estudio ha sido limitado a enfoques citogenéticos y moleculares convencionales, siendo desconocida su composición genómica. En este trabajo, caracterizamos las secuencias de ADN repetitivo de los cromosomas B de *O. barituensis*, para conocer su composición y evolución. Se secuenció ADN genómico de cuatro individuos: uno con Bt, uno con Bst y dos sin B de la misma localidad. Mediante un análisis comparativo con el programa RepeatExplorer, se caracterizó el ADN repetitivo de genomas con y sin B con especial énfasis en ADN satélite (ADNsat), para identificar aquellas secuencias enriquecidas en los B, a partir de diferencias en la abundancia y divergencia. Los resultados mostraron que el ADNsat representa el 25% del genoma, identificando pocas familias predominantes y secuencias compartidas entre cromosomas A y B, además de secuencias específicas del genoma B. Estas secuencias de ADNsat podrían desempeñar un papel importante en la evolución de los cromosomas B y ayudar a dilucidar el origen de estos elementos.

CA 6

ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD CROMOSÓMICA Y FILOGENIA MITOCONDRIAL DE LA FAMILIA ALSODIDAE EN ARGENTINA

Urizar C.F.¹, D.A. Barrasso², J.D. Baldo¹. ¹Instituto de Biología Subtropical, Universidad Nacional de Misiones – CONICET, Misiones, Argentina; ²Instituto de Diversidad y Evolución Austral, CONICET, Chubut, Argentina. camilaurizar85@gmail.com

Alsodidae es una Familia de ranas sudamericanas constituida por tres géneros: *Alsodes*, *Eupsophus* y *Limnomedusa*. Posee una distribución geográfica peculiar, con *Alsodes* y *Eupsophus* restringidos a la región Andino-Patagónica del sur de Chile y Argentina y *Limnomedusa* distribuida en Uruguay, nordeste de Argentina y sureste de Paraguay y Brasil. Citogenéticamente, Alsodidae muestra una elevada diversidad, con números básicos (x) de 11 a 17 y números fundamentales (NF) de 44 a 56. Las poblaciones argentinas de este taxón han sido poco analizadas, y solo con tinción convencional. Con el objetivo de indagar sobre la diversidad cromosómica de Alsodidae, estudiamos poblaciones argentinas de cinco especies de *Alsodes*, una de *Eupsophus* (*E. roseus*) y la especie monotípica *Limnomedusa macroglossa*, y realizamos un análisis de máxima parsimonia empleando secuencias de citocromo oxidasa I. La mayoría de las especies evidenciaron cariotipos con $2n=2x=26$ cromosomas bibráquidos, a excepción de *E. roseus* ($2n=2x=30$, NF=46). Las NORs se ubican en el brazo corto del par 2 o 4 y las bandas C son principalmente centroméricas, o intersticiales y teloméricas en algunas especies. Los análisis filogenéticos recuperan a los géneros *Alsodes* y *Eupsophus* como monofiléticos y al $x=13$ como la condición plesiomórfica de la familia. Las variaciones numéricas reportadas en la literatura representan apomorfías a diferentes niveles del árbol. En contraposición a la alta diversidad cromosómica registrada en las especies transandinas, observamos un marcado conservadurismo, tanto en morfología cromosómica como en posición de bandas C y NORs.

