

COMUNICACIONES LIBRES

**CITOGENÉTICA  
ANIMAL Y VEGETAL**



## CAyV 1

**EVALUACIÓN DE GENOTOXICIDAD EN ERITROCITOS DE TORTUGAS (*Phrynops hilarii*) SILVESTRES DE ÁREAS DEL CENTRO-OESTE DE ENTRE RÍOS, ARGENTINA**

Castaña G.V.<sup>1</sup>, A.S. Manzano<sup>2</sup>, M. Cabagna Zenklusen<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Nacional del Litoral, Argentina; <sup>2</sup>Centro de Investigaciones Científicas y Transferencia de Tecnología a la Producción (CICYTTP-CONICET), Argentina.

E-mail: gisela\_cto@hotmail.com

El test de micronúcleos (MN) es un biomarcador de genotoxicidad no destructivo que permite evaluar daño cromosómico. Asimismo, se pueden observar otras alteraciones nucleares (AN) aparte de los MN como: núcleos escotados (KN), mellados (EN), presencia de lóbulos nucleares (LN) y células binucleadas (BN). En *Phrynops hilarii* son escasos los trabajos en los que se aplicó el test de MN, y de otras AN no hay antecedentes hasta el momento. El objetivo de este trabajo estuvo centrado en evaluar efectos genotóxicos en *P. hilarii* silvestres de áreas de Entre Ríos a través del método señalado. Para tal fin se capturaron 18 individuos (6 por lugar) con trampas tipo embudo en tres sitios: a) Parque Nacional Pre-Delta (control); b) Salto Ander Egg (agroecosistema); y c) Caleta Club Náutico Paraná (sistema urbano) y se les extrajo sangre de la vena femoral. Los extendidos sanguíneos se colorearon con May Grunwald-Giemsa y se observaron en un microscopio con objetivo de inmersión. Se determinó la frecuencia de MN (FMN) y de AN (FAN). Los resultados se expresaron cada 1000 eritrocitos contados. Se utilizó el test de Kruskal-Wallis para evaluar diferencias entre los sitios con respecto a las frecuencias obtenidas; un  $p < 0,05$  se consideró significativo. Se encontró diferencia significativa entre el sitio A y los otros sitios, observándose los mayores valores de las FMN y FAN en el sitio B. Finalmente, los resultados señalan que esta técnica sería eficaz en biomonitoreos con *P. hilarii* como organismo bioindicador.

## CAyV 2

**INESTABILIDAD CARIOTÍPICA EN UN HÍBRIDO INTERESPECÍFICO ENTRE *Passiflora alata* Y *P. caerulea***

Bugallo V.L.<sup>1,2</sup>, M.F. Realini<sup>3</sup>, G. Facciuto<sup>2</sup>, L. Poggio<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Floricultura, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución (LaCyE), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad de Buenos Aires, Argentina.

E-mail: bugallo@agro.uba.ar

En un híbrido interespecífico, la presencia de genomas diferentes en un mismo núcleo lleva a modificaciones de los cariotipos de las especies parentales, pudiendo o no alterar en tamaño del genoma. En un programa de mejoramiento para la obtención de ornamentales de *Passiflora*, se estudió la ocurrencia de modificaciones de los cariotipos parentales en un híbrido interespecífico. Se utilizó GISH sobre preparados cromosómicos del híbrido *P. alata* x *P. caerulea*, para diferenciar los cromosomas de cada parental. Se comparó el aporte porcentual de cada cromosoma respecto del complemento cariotípico de cada padre por ANOVA con contraste BSS. Se estimó la cantidad de ADN por citometría de flujo. Los resultados mostraron que, si bien la cantidad de ADN del híbrido es estadísticamente similar a la suma de los complementos de los padres (*P. alata* 4,77 pg., *P. caerulea* 2,83 pg., *P. alata* x *P. caerulea* 3,80 pg.), existen diferencias en los dos genomas presentes en el híbrido. El genoma de *P. alata* en el híbrido mostró un aumento porcentual significativo en los cromosomas 1 y 2 (1,61%+0,88%=2,49%). En el complemento aportado por *P. caerulea*, se observó un aumento en los cromosomas 1, 2, 3 y 4 (1,4%+1,38%+0,86%+0,76%=4,49%), y una reducción en los cromosomas 6, 7, 8 y 9 (-0,52%-0,89%-1,71%-1,31%=-4,43%). Se concluye que existen reestructuraciones de los cariotipos parentales en el híbrido. La inestabilidad cariotípica podría deberse tanto a la activación de elementos transponibles como a translocaciones y sería producto del shock genómico producido por la hibridación interespecífica.