

CA

**CITOGENÉTICA
ANIMAL**



CA 1

TINCIONES CROMOSÓMICAS DIFERENCIALES EN LA CARACTERIZACIÓN DEL GENOMA DEL AULLADOR MARRÓN *Alouatta guariba clamitans* (PRIMATES, ATELIDAE)

Steinberg E.R.¹, L. Maladesky¹, M. Nieves¹, M.J. Bressa², M.D. Mudry¹.
¹Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CONICET, Argentina;
²Grupo de Citogenética de Insectos, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CONICET, Argentina.
 steinberg@ege.fcen.uba.ar

Alouatta guariba clamitans exhibe variabilidad cariotípica a lo largo de su distribución geográfica, desde el noreste de Brasil hasta el noreste de Argentina (Misiones), donde muestra un $2N=45, X_1X_2X_3Y_1Y_2$ (macho) y $2N=46, X_1X_1X_2X_2X_3X_3$ (hembra). Con escasos análisis citogenéticos, no hallamos información sobre la arquitectura cromatínica. A fin de describir la composición y distribución nucleotídica de secuencias de bases específicas (AT/GC) y profundizar estudios previos, se analizaron preparaciones mitóticas de un ejemplar adulto de cada sexo con bandas cromosómicas secuenciales fluorescentes (DAPI/CMA₃). El patrón de bandas DAPI+ se corresponde con el ya publicado patrón BG. Se detectaron bandas CMA₃+ en regiones intersticiales (e.g. pares 1-6, 9, 11, 14-20, X₁, X₂, Y₁, Y₂), teloméricas (e.g. 1, 2, 5, 6, 8, 13-18, 22, X₁, Y₂) y pericentroméricas (e.g. 2-6, 8, 13, 15-17, 22, X₃). En 5p se observó una banda DAPI+ telomérica mientras que en 5q la banda telomérica fue CMA₃+. En el par 12, p y q fueron CMA₃+. En las constricciones secundarias de 19q y 22q se detectaron bandas CMA₃+. Se infiere que las bandas CMA₃+ intersticiales de los pares 16 y 17 y la telomérica de 2q se corresponderían con bloques de heterocromatina constitutiva y que las bandas CMA₃+ de los pares 19 y 22 co-localizarían con regiones NOR, siendo todas ellas regiones ricas en pares de bases GC. Estos hallazgos junto a los cariológicos ya descritos para el aullador negro y dorado *A. caraya* contribuyen al mejor conocimiento de la arquitectura cromatínica del genoma complejo de los aulladores.

CA 2

COMPOSICIÓN Y ESTRUCTURA CROMATÍNICA DEL MONO CAPUCHINO *Sapajus nigritus* (CEBIDAE, PLATYRRHINI)

Nieves M.^{1,2}, F. Fourastie², E.R. Steinberg^{1,2}, M.J. Bressa^{2,3}, M.D. Mudry¹.
¹Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), FCEyN, UBA, Argentina; ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, CONICET, Argentina; ³Grupo de Citogenética de Insectos, FCEyN, UBA, Argentina.
 mnieves@ege.fcen.uba.ar

El estudio de la organización cromosómica y su relevancia evolutiva puede ser abordado combinando citogenética clásica y molecular. Fluorocromos que producen patrones de fluorescencia característicos según su afinidad hacia AT o GC brindan información sobre la composición nucleotídica de la cromatina de una especie. A fin de profundizar la caracterización de la cromatina de *Sapajus nigritus* se analizaron preparaciones cromosómicas mitóticas de 4 nuevos ejemplares mediante bandas secuenciales fluorescentes DAPI/CMA₃. Se observaron bandas DAPI+/CMA₃- intersticiales en 8 pares (1, 3, 4, 6, 8, 11, 14, X), y bandas DAPI-/CMA₃+ teloméricas en 7 pares (1-6, 8, 11, 15-17, Y) y pericentroméricas en 6 pares (1, 3, 16, 22 y 23, X). El brazo q de los pares 9, 24 y 26 y el par 10 resultaron ser completamente DAPI-/CMA₃+. En el brazo q del par 6 se observó una banda DAPI+ en uno de los homólogos y una banda CMA₃+ en el otro homólogo. Además, se detectó un bloque CMA₃+ en el brazo q de los pares 4, 12 y 13. De los resultados obtenidos en *S. nigritus* se concluye que el patrón de bandas DAPI+ se corresponde con su patrón de bandas G; el par 6 es heteromórfico para la presencia de bandas fluorescentes, y el bloque CMA₃+ del 4, 12 y 13 co-localizaría con el bloque de heterocromatina constitutiva C+ característico de esta especie. Estos hallazgos, junto con el conocimiento previo sobre la organización genómica de monos capuchinos, aportan evidencia a favor de un papel fundamental de la interacción eucromatina-heterocromatina en la arquitectura de un genoma notablemente dinámico.

EVALUACIÓN CITOGENÉTICA DE HÍBRIDOS DEL GÉNERO *Saguinus*

Rivillas Y.M.^{1,2,3,4,5}, Y. Acevedo^{4,5,6,7,8}, I. Soto Calderon^{4,5,6,7,8}, J.B. Lopez^{1,2,3,4,5}.

¹Universidad Nacional de Colombia; ²Facultad de Ciencias, Colombia; ³Grupo de investigación Biotecnología animal, Colombia; ⁴Medellín, Antioquia, Colombia; ⁵Colombia; ⁶Universidad de Antioquia, Colombia; ⁷Instituto de Biología, Colombia; ⁸Grupo de investigación genética, mejoramiento y moldeación animal, Colombia.

ymrivillasp@unal.edu.co

Colombia es uno de los países con mayor número de primates en el mundo, sin embargo, la 3 que los programas de recuperación de fauna sean ineficientes y en algunos casos, fomenten la hibridación. Los primates del género *Saguinus*, por la homogeneidad en su cariotipo, su alto porcentaje de similitud genética y morfológica, hacen que las probabilidades de hibridación sean altas en condiciones de cautiverio. El objetivo de este estudio es evaluar el cariotipo con bandeo dinámico RBG de 3 híbridos nacidos en estas condiciones y analizar su comportamiento cromosómico para discutir las consecuencias de dicha hibridación. Se establecieron cultivos de sangre periférica estimulada con fitohematoglutina, según el protocolo de Moorhead y se agregó BrdU 6 horas antes de la cosecha para obtener el bandeo RBG. Luego de obtener las metafases el proceso de revelado se hizo según lo descrito por Camargo y Cervenka, con algunas modificaciones. Se analizaron 30 metafases por individuo para construir su cariotipo. El estudio cromosómico reveló una carga genética $2n=46$ según lo descrito para el género y se hicieron las correlaciones según la distribución de las bandas. Se llegó a la conclusión que dos de ellos son híbridos segmentales y se esperaba que fueran semi-estériles por generación de gametos desbalanceados cromosómicamente, esto resalta la importancia de la citogenética en el estudio de los híbridos y en la determinación de su fertilidad.

THE USE OF CHROMOSOME PAINTING AS A TOOL FOR TAXONOMIC DELINEATION OF EASTERN AMAZONIAN SPECIES OF *Neacomys* (RODENTIA, SIGMODONTINAE)

Oliveira Da Silva W.¹, J.C. Pieczarka¹, M.A. Ferguson-Smith², P.C.M. O'Brien², A.C. Mendes-Oliveira³, C.Y. Nagamachi¹. ¹Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, Laboratório de Citogenética, ICB, Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brazil; ²Cambridge Resource Centre for Comparative Genomics, Department of Veterinary Medicine, University of Cambridge, Cambridge, UK; ³Laboratório de Zoologia e Ecologia de Vertebrados, ICB, Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brazil.
willam_oliveira@hotmail.com

The genus *Neacomys* (Rodentia-Sigmodontinae) comprises 12 recognized species mainly found in the Amazon region, with a range in $2n$ (28–64) and FN (36–70). Morphological, molecular and cytogenetic analysis have demonstrated candidate species, new distributions and karyotypes that reshaped the geographic boundaries and identified the occurrence of species complex. Aiming to shed light into *Neacomys* taxonomic status, we investigated a clade of eastern Amazonian species: *Neacomys* sp. A (NSP-A; $2n=58$ /FN=68), *Neacomys* sp. C (NSP-C; $2n=58$ /FN=64) and *Neacomys* sp. D (NSP-D; $2n=58$ /FN=70). Samples of NSP-D (5♂ and 5♀) were collected from Chaves and Afuá, both at Marajó Island, Pará, Brazil. Chromosomal preparations were obtained from bone marrow and submitted to C-, G-banding and FISH with *Hylaeamys megacephalus* (HME) whole-chromosome probes. Cross-species FISH yielded 39 signals on NSP-D chromosomes; seven NSP-D pairs show chromosomal associations (HME 20/[13,22]/4, 12/[16,17], 6/21, [9,10]/7/[9,10], 18/5, 19/14/23, [13,22]/26). C-banding results showed blocks of constitutive heterochromatin (CH) in five bi-armed chromosomes. Comparative analysis showed that the divergence between NSP-C and NSP-D is due the presence of three CH blocks in NSP-D, which are absent in NSP-C. However, NSP-A diverged from NSP-C+NSP-D due to two fusion/fission events and the chromosomal association HME 5/[13,22]. Since there is no evidence that CH acts in the speciation process, we corroborate the molecular data that NSP-C and NSP-D belongs to the same species, while NSP-A is a distinct taxonomic entity.

CA 5

ANÁLISE CITOGÊNÉTICA APONTA NOVO CITÓTIPO PARA *Proechimys guyannensis* (RODENTIA, ECHIMYIDAE) DA AMAZÔNIA BRASILEIRA

Batista Borges G.¹, W. Oliveira Da Silva¹, V. Dos Santos Paixão¹, M.J. Rodrigues Da Costa¹, R. Vieira Rossi², J.C. Pieczarka¹, C.Y. Nagamachi¹.
¹Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, Laboratório de Citogenética, ICB, Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brasil;
²Departamento de Biologia e Zoologia, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Mato Grosso, Cuiabá, Brasil.
 gabrielborges1901@hotmail.com

Proechimys guyannensis (Rodentia, Echimyidae) ocorre ao norte do Rio Amazonas, na Sub-região da Guiana. Apesar de ser considerado monotípico, há grande diversidade cariotípica, com variação no $2n$ de 38 à 46 e no NF de 50 à 56, o que pode indicar um complexo de espécies. Assim, visando um melhor entendimento da diversidade cariotípica, bem como fornecer informações que auxiliem no delineamento taxonômico, no presente trabalho investigamos amostras de *P. guyannensis* da Amazônia brasileira, coletadas em Calçoene-Amapá (2♀), Ferreira Gomes-Amapá (1♀) e Almeirim-Pará (1♂). As preparações cromossômicas foram obtidas a partir da medula óssea e submetidas aos bandeamentos cromossômicos C e G; FISH com sondas de rDNA 18S e telômero. As amostras de Calçoene e Almeirim apresentaram $2n=40/NF=52$, sendo este inédito, e as de Ferreira Gomes apresentaram $2n=38/NF=52$. Em ambos os cariótipos a heterocromatina constitutiva mostrou-se distribuída na região centromérica dos autossomos e no sexual X; o sexual Y mostrou-se heterocromático em quase toda sua extensão. Nossos dados inéditos da FISH evidenciaram, nos dois cariótipos, a presença de rDNA 18S na região intersticial do braço longo de um par metacêntrico. Não foram observadas ITS através da FISH telomérica. A análise comparativa indica que os cariótipos diferem possivelmente devido a um evento de fusão/fissão, envolvendo um par meta/submetacêntrico do cariótipo com $2n=38$, e dois pares acrocêntricos no cariótipo com $2n=40$. Assim, sugerimos que os distintos cariótipos correspondem a duas entidades taxonômicas.

CA 6

OCORRÊNCIA DE DOIS CARIÓTIPOS DE *Lonchothrix emiliae* (RODENTIA, ECHIMYIDAE, EUMYSOPINAE) EM SINTOPIA, NA AMAZÔNIA BRASILEIRA

Dias De Oliveira L.¹, W. Oliveira Da Silva¹, M.J. Rodrigues Da Costa¹, J.C. Pieczarka¹, A.C. Mendes-Oliveira², C. Nagamachi¹.
¹Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, Laboratório de Citogenética, ICB, Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brasil;
²Laboratório de Zoologia e Ecologia de Vertebrados, ICB, Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, Pará, Brasil.
 cleusanagamachi@gmail.com

O gênero *Lonchothrix* (Rodentia, Echimyidae) é monotípico (*L. emiliae*) e endêmico da Amazônia brasileira. Dados citogenéticos apontam um único cariótipo ($2n=64♀65♂/NF=124$) com sistema sexual múltiplo (XX/XY_1Y_2) e todos autossomos de dois braços. Buscando compreender a evolução cariotípica do gênero, foi coletada uma fêmea de *L. emiliae* no município de Juruti-PA-Brasil. A preparação cromossômica foi submetida às técnicas de bandeamentos cromossômicos G, C e FISH com sondas telôméricas e de rDNA 18S. Nossos dados evidenciam um cariótipo com $2n=66/NF=126$, com 31 pares de dois braços (variando de grande a pequeno) e um par acrocêntrico pequeno; o sexual X é submetacêntrico médio. A heterocromatina constitutiva apresentou-se distribuída na região centromérica de todos os autossomos, e no sexual X. A FISH com sonda telomérica apresentou marcação distal e sondas de rDNA 18S apresentaram marcação intersticial em apenas um par autossômico. Descrevemos neste trabalho um novo citótipo para *L. emiliae* ($2n=66/NF=126$), sendo este encontrado em sintopia com a forma $2n=64♀65♂/NF=124$; a análise comparativa entre os dois citótipos evidenciou que o sexual X é conservado, sendo o sistema múltiplo presente em ambas as formas cariotípicas; a presença de um par acrocêntrico no cariótipo $2n=66/NF=126$ indica que as diferenças no $2n$ e NF podem ser decorrentes de eventos do tipo fusão/fissão entre os autossomos. Resultados similares foram descritos para outros membros de Echimyidae: *Proechimysgoeldii* ($2n=24♀25♂; 26♀27♂/NF=42$) e *Proechimys cf. longicaudatus* ($2n=14♀15♂; 16♀17♂/NF=14$).

EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE UN HERBICIDA CON BASE DE GLIFOSATO EN RATONES DE LABORATORIO (*Mus musculus*): UN ANÁLISIS PRELIMINAR

Resquin M.¹, H. Caballero¹, E. Torres¹. ¹Universidad Nacional de Asunción, Paraguay.
ginsengi1994@gmail.com

El glifosato y sus derivados constituyen el grupo de herbicidas más utilizados en la industria agrícola a gran escala. Sin embargo, existe una contraposición en los resultados descritos en varios estudios realizados con el plaguicida, entre los cuales se destacan actividades genotóxicas y no genotóxicas dependiendo el tipo de ensayo que se emplea. Este trabajo ha tenido como objetivo principal la evaluación del potencial genotóxico de un herbicida a base de glifosato en *Mus musculus* Swiss. Se emplearon 6 ratones de la cepa Swiss, 3 de los cuales fueron expuestos a una solución de 60 mg/ml del xenobiótico en agua potable por un tiempo de cuatro semanas, mientras que el grupo control fue tratado con agua potable por el mismo periodo de tiempo. Se realizó el test de micronúcleos en médula ósea de ratón, observándose un (1) micronúcleo en células en el control negativo; y un promedio de 22 micronúcleos en 5000 células observadas en cada individuo expuesto. Se analizaron los datos mediante la prueba *T-student* (95% de intervalo de confianza), demostrando una diferencia significativa ($p < 0,05$) en cuanto a la frecuencia de micronúcleos entre los grupos evaluados. Estos resultados preliminares reflejan la necesidad de realizar el experimento con una mayor cantidad de individuos a tratar (ajustados a protocolos internacionales), a modo de reconfirmar los datos obtenidos en esta primera fase.

CROMOSOMAS ROBERTSONIANOS EN DESCENDIENTES DE HETEROCIGOTOS MÚLTIPLES DE *Mus musculus domesticus* 2N= 32

Bizama V.^{1,2}, T. Arévalo^{1,2}, J. Gatica¹, E. Ayarza², S. Berríos¹. ¹Programa Genética-ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile; ²Departamento Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile.
sberrios@med.uchile.cl

En la meiosis de heterocigotos Robertsonianos (Rb) se forman trivalentes. En la segregación de los cromosomas prevalece la segregación alterna sobre la adyacente y se ha propuesto que los cromosomas metacéntricos Rb se heredan preferentemente respecto de los telocéntricos. Estudiamos en placas metafásicas el número de cromosomas metacéntricos Rb de los descendientes de cruzamientos entre heterocigotos $2n=32$ con 8 cromosomas metacéntricos Rb y homocigotas $2n=40$ con todos los cromosomas telocéntricos, y los cruzamientos recíprocos. Se encontró una distribución de frecuencias de entre 0 y 8 cromosomas Rb asimilable a una curva normal. El promedio de metacéntricos Rb en los 56 descendientes de hembras fue de 2,8 en cambio en los 55 descendientes de machos fue de 4,3. En los descendientes de heterocigotas el 35% fueron cromosomas Rb en cambio en los de machos heterocigotos el 54%. A través de los STR D16Mit49 y D12Mit2 se analizó la presencia de los cromosomas Rb 10.12 y 16.17 en DNA aislado de los hijos en dos familias de machos heterocigotos $2n=32$. Se observó la presencia del cromosoma Rb 10.12 en 11 de 23 descendientes (48%) y del Rb 16.17 en 8 de 13 hijos (62%). En los descendientes de heterocigotos Rb no se observó herencia preferente de cromosomas Rb vs. telocéntricos, en cambio los hijos de las heterocigotas heredaron menos cromosomas Rb. Se muestra la ventaja relativa de utilizar marcadores genéticos STR que permiten distinguir a metacéntricos Rb específicos. Se discute la aleatoriedad de la segregación y herencia de los cromosomas Rb.

CA 9

ALTERACIÓN EN LA CONTINUIDAD DE RESPUESTA AL DAÑO DEL ADN POR LESIONES DE DOBLE CADENA EN LINFOCITOS DE RATAS DESNUTRIDAS

González Gutiérrez A.M.^{1,2}, A.R. Ortiz Muñiz, M.D.C. García Rodríguez³, E. Cortés Barberena¹. ¹Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Universidad Autónoma Metropolitana (UAM), Unidad Iztapalapa, CDMX, México; ²Posgrado en Biología Experimental, UAM-Iztapalapa, CDMX, México; ³Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), FES Zaragoza, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), CDMX, México. anamglez9@gmail.com

La desnutrición es el resultado de una dieta deficiente, afectando principalmente a los infantes debido a su alto requerimiento de nutrientes. Estudios en organismos desnutridos (humanos y modelos animales) muestran daño genético elevado. Se analizan dos proteínas involucradas en el reconocimiento del daño al ADN por rupturas de doble cadena (DSBs): ATM y H2AX fosforiladas (pATM y gH2AX). Se indujo desnutrición experimental a ratas Wistar, asignando a una nodriza 16 crías (grupo desnutrido, DN) y de 6 a 7 crías para el grupo bien nutrido (BN). Posterior al día de nacimiento (día 1), se pesaron cada tercer día para establecer el grado de desnutrición, dependiendo del déficit de peso comparado con BN. El día 21 (destete), se obtuvo sangre por punción cardíaca y se extrajo bazo de las ratas BN y con DN moderada y grave; las muestras se incubaron con anticuerpos conjugados para identificar linfocitos T y B, al igual que pATM y gH2AX para determinar el porcentaje de linfocitos que mostraran estas proteínas por citometría de flujo. Se adquirieron 20000 eventos por muestra en un citómetro FACSCalibur. Ambos grupos DN muestran aumento en el porcentaje de linfocitos T y B pATM+ en bazo, comparados con BN. En el grupo con DN moderada hay un aumento en el porcentaje de linfocitos T y B pATM+/gH2AX+ en bazo comparados con BN. El grupo con DN moderada muestra aumento en el porcentaje de linfocitos B gH2AX+ en bazo, comparado con BN, todos estadísticamente significativos. Nuestros datos sugieren una alteración en la continuidad de la respuesta al daño del ADN en el grupo con DN grave.

CA 10

KARYOTYPIC VARIATION IN THE GENUS *Tonatia* (CHIROPTERA, PHYLLOSTOMIDAE): EVIDENCE FROM CLASSICAL CYTOGENETICS AND CHROMOSOME PAINTING

Farias J.C.¹, N. Santos¹, C. Sotero-Caio^{1,2}. ¹Departamento de Genética, Centro de Biociências, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brazil; ²Department of Ecology, Faculty of Science, Charles University, Prague, Czech Republic. jcarlosfss2014@gmail.com

Phyllostomid bats have been extensively studied from a cytogenetic standpoint, but some groups, such as the genus *Tonatia*, still lack a complete karyotypic characterization throughout their distributional range. Two known species, *Tonatia saurophila* (TSA) and *T. bidens* (TBI) were thought to present identical karyotypes ($2n=16$), but further chromosomal variation was recently uncovered. In this work, we provided an in-depth characterization of TBI in the context of chromosomal evolution for the genus and Phyllostomidae family. Karyotypic features of a specimen from Paraíba State, Northeastern Brazil were evaluated using Giemsa, C-banding and silver nitrate staining. Chromosome painting was carried out utilizing 16 whole chromosome probes from *Macrotus californicus* (MCA). Our results showed an unusual karyotype with $2n=25$, XY and $FN=38$, as well as centromeric heterochromatin and a single pair of NORs in the long arm of pair 12. So far, hybridization of MCA probes onto TBI genome revealed 19 homologous segments and a heterozygous Robertsonian translocation among chromosomes TBI 2 (MCA 2/15) and TBI 3 (MCA 1/4). Compilation of new and published data has shown that TBI present an extremely rearranged karyotype. In addition, the specimen analyzed consists of a case of heterozygotic translocation, a phenomenon rarely reported in bats. Finally, comparative chromosome painting among TBI, TSA and other phyllostomids revealed common chromosomal associations within *Tonatia*, but extreme karyotypic reshuffling in the genus when compared to the ancestral phyllostomid karyotype.

FRAGILIDAD DEL CROMOSOMA X EN UN CASO DE ARTROGRIPOSIS BILATERAL DEL CARPO EN UN BOVINO HOLSTEIN FRIESIAN

Artigas R.¹, N. Vazquez², M.T. Federici³, S. Llambí¹. ¹Área Genética, Departamento de Genética y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria, UdelaR, Uruguay; ²Área Anatomía, Departamento de Morfología y Desarrollo, Facultad de Veterinaria, UdelaR, Uruguay; ³Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. rodyartigas@gmail.com

La artrogriposis se caracteriza por la contractura congénita de las articulaciones, principalmente a nivel de los miembros. Se observa como único signo o formando parte de un síndrome junto a otras malformaciones. En humanos se han observado alteraciones numéricas y estructurales en múltiples cromosomas asociadas a la artrogriposis. En bovinos no existen reportes de alteraciones cromosómicas relacionadas a ese fenotipo. El objetivo de este trabajo fue realizar la descripción citogenética de un caso de artrogriposis bilateral del carpo (como único signo) en una ternera de la raza Holstein Friesian de un año de edad. Se realizaron cultivos linfocitarios a partir de muestras de sangre del individuo afectado y de un individuo normal en medio completo RPMI1640 suplementado con suero fetal bovino. Se analizaron 50 metafases completas por animal utilizando microscopio de luz Olympus BX60. En las metafases analizadas no se detectaron alteraciones cromosómicas numéricas o estructurales en autosomas. Sin embargo se identificó un elevado número de fracturas (18%) en la región medial del brazo q de uno de los cromosomas X del individuo afectado. Estudios citogenéticos realizados en bovinos con otras malformaciones congénitas de los miembros (amelia y hemimelia) también han demostrado una alta incidencia de fragilidad cromosómica. Este trabajo representa el primer reporte de fragilidad puntual del cromosoma X en bovinos relacionado a un caso de artrogriposis.

O USO DE BAC-FISH EM *Charadrius collaris* VIEILLOT, 1818 (CHARADRIIDAE) RELEVA ALTA CONSERVAÇÃO DE GENES NOS MICROCROMOSSOMOS

Ferreira P.V.D.M.¹, T.F.A. Ribas¹, L.A.R. Correa¹, C.Y. Nagamachi¹, L.G. Kiazim², R.E. O' Connor², D. Griffin², J.C. Pieczarka¹. ¹Laboratório de Citogenética, Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade-CEABio, ICB, UFPA, Brasil; ²School of Biosciences, University of Kent, Canterbury, UK. victor.ferreira1000@gmail.com

Charadrius contém 33 espécies e é o maior gênero da família Charadriidae. Suas aves são encontradas por todo o mundo e existem dados citogenéticos disponíveis para somente duas espécies, *C. hiaticula* e *C. collaris*, ambas com $2n=76$ cromossomos. O estudo comparativo em aves esteve sempre limitado aos macrocromossomos, mesmo com a ZOOFISH com sondas de cromossomos totais. A inserção da técnica de BACs proporcionou que os microcromossomos fossem utilizados para compreender a dinâmica gênica envolvida nos eventos de rearranjos nos cromossomos. Dessa forma o objetivo do presente trabalho foi estudar os possíveis rearranjos cromossômicos ocorrentes em *C. collaris*, por meio de técnica de BAC-FISH, afim de estabelecer um melhor entendimento da evolução cromossômica da espécie. Foram testadas 38 sondas BAC da biblioteca de BACs de *Gallus gallus* e *Taniopygia guttata* disponível na plataforma do National Center for Biotechnology Information, para os microcromossomos 9-28, exceto para o 16. Nossos resultados mostraram que 33 das sondas marcaram regiões em microcromossomos do cariótipo de *C. collaris* e 5 sondas não hibridizaram, possivelmente por perda ausência de homeologia ou artefatos da técnica. Estes resultados demonstram que *C. collaris* apresenta alta conservação do DNA dos microcromossomos, o que já foi observado em outros estudos genéticos em aves. A ausência de regiões de DNA repetitivo, pode ser um fator determinante na alta conservação de microcromossomos em aves, apontando uma importância significativa destas sequências para a evolução.

CA 13

SPECIES COMPLEX IN *Guira guira* (AVES, CROTOPHARAGINAE)? NEW KARYOTYPE DESCRIPTION AND PHYSICAL MAPPING OF 18S rDNA GENES AND TELOMERIC SEQUENCES

Rodrigues Correa LA.^{1,2}, W. Oliveira Da Silva^{1,2}, K. Santos Da Silva^{1,2}, C.Y. Nagamachi^{1,2}, J.C. Pieczarka^{1,2}. ¹Universidade Federal do Pará, Brasil; ²Laboratório de Citogenética, Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, Brasil.
luyannandre@gmail.com

The genus *Guira* is monotypic (*G. guira*), but cytogenetic studies, despite limited to the description of the diploid number (2n), indicate two karyotypes for this taxon (2n=66 and 72), rising doubts about its monotypic character. Comparative analyzes of rDNA in Aves indicate that simple hybridizations on microchromosomes correspond to the basal character, whereas multiple signals correspond to a derived character. In the present work we analyzed 3 male samples from Belém, Pará, Brazil, by G-banding and FISH of telomeric and 18S rDNA sequences to investigate the karyotype evolution processes, as well as to provide information for a better understanding of chromosomal dynamics in Aves. Our results shows that *G. guira* presents 2n=68 (10 m/sm + 4 st/a + 20 micro); FISH of 18S rDNA shows hybridizations at proximal region on long arm of pair 5; no interstitial telomeric sequences (ITS) were detected. The karyotype of present study (2n=68) differs from those described in the literature (2n=66 and 72). Therefore, the wide distribution associate to the fact that the genus was never taxonomically reviewed suggests the possibility of being a complex of species. Although the simple labeling of 18S rDNA was considered a basal character, it was found in a pair of macrochromosomes, indicating another evolutionary pathway to ribosomal genes, possibly chromosome translocation. The karyotype variation in *G. guira* suggests events of fusion, fission and/or translocations that made possible the difference of the 2n and the rDNA sites in the macrochromosomes.

CA 14

PRIMEIRA CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA PARA *Archolaemus janeae* (GYMNOTIFORMES, STERNOPYGIDAE)

Rodrigues P.¹, M. Machado¹, A. Pety¹, D. Silva², A. De Souza³, J. Pieczarka¹, C. Nagamachi¹. ¹Universidade Federal do Pará, UFPA, Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, ICB, Laboratório de Citogenética, Campus Guamá, Belém, PA, Brasil; ²Universidade do Estado do Pará, Campus de Marabá, Pará, Brasil; ³Laboratório de Estudos da Ictiofauna da Amazônia, Instituto Federal do Pará, Campus Abaetetuba, PA, Brasil.
paula.rodrigues4.pr@gmail.com

Gymnotiformes apresenta mais de 230 espécies de peixes elétricos neotropicais, com maior diversidade e abundância na Bacia Amazônica. *Archolaemus* (Sternopygidae) compreende um complexo de 6 espécies, todas ocorrendo na Amazônia. Não há relatos de estudos citogenéticos para espécies deste gênero. Visando gerar dados citogenéticos que auxiliem a citotaxonomia e investigar rearranjos cromossômicos responsáveis pela variação cariotípica intragenérica, estudamos o cariótipo de *Archolaemus janeae* de dois locais no Pará: Rio Xingu-Altamira e Rio Tocantins-Santarém. As preparações cromossômicas foram obtidas por extração direta de rins cefálicos e analisadas por citogenética clássica (coloração convencional e bandeamento C) e molecular com sondas de diferentes grupos de DNA repetitivo: sequências teloméricas e famílias multigênicas (snRNA U2, rDNA 18S e 5S). A espécie apresenta 46 cromossomos, sendo 4 de dois braços e 42 acrocêntricos (2n=46; 4m/sm+42a). A heterocromatina constitutiva ocorre na região centromérica de todos os cromossomos, além de pequenas bandas em regiões intersticiais e distais em alguns pares. O rDNA 18S ocorre na região distal do braço curto do par 2, o rDNA 5S ocorre em 5 pares cromossômicos e a sequência snRNA U2 ocorre em 2 pares. Não foram observadas sequências teloméricas intersticiais. As populações exibem cariótipos idênticos, confirmando ser uma única espécie. Apresentamos o primeiro dado do marcador U2 para esta família. Estes dados são de grande importância como referência para futuros estudos citotaxonômicos do gênero.

PINTURA CROMOSSÔMICA EM *Gymnotus carapo* “CATALÃO”: DINÂMICA DA REORGANIZAÇÃO CROMOSSÔMICA NO GÊNERO *Gymnotus*

Machado M.A.¹, M. Silva^{2,3}, E. Feldberg², P.M.C. O'Brien⁴, M.A. Ferguson-Smith⁴, J.C. Pieczarka¹, C.Y. Nagamachi¹. ¹Universidade Federal do Pará, UFPA, Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, ICB, Laboratório de Citogenética, Campus Guamá, Belém, PA, Brasil; ²Programa de Pós Graduação em Genética, Conservação e Biologia Evolutiva, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus, Brasil; ³Departamento de Biologia Estrutural, Molecular e Genética, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Brasil; ⁴Cambridge Resource Centre for Comparative Genomics, Department of Veterinary Medicine, University of Cambridge, United Kingdom.
millaamachado@gmail.com

Gymnotus (Gymnotiformes) é um dos gêneros de peixes elétricos mais especiosos e amplamente distribuídos na América do Sul, com a maior ocorrência na bacia Amazônica, havendo várias espécies ocorrendo em simpatria. *Gymnotus* possui uma alta diversidade de cariótipos, sendo estes espécie-específicos, mesmo compartilhando o mesmo número diploide. Para melhor entender a evolução cromossômica do gênero e auxiliar na citotaxonomia de suas espécies, cromossomos metafásicos de *G. carapo* “catalão” (GCC, 2n=40, 30m/sm+10st/a) foram hibridizados com sondas de cromossomo total de *G. carapo* (GCA, 2n=42, 30 m/sm+12 st/a). A técnica utilizada foi a de FISH (Hibridização *in situ* Fluorescente). Os resultados revelaram rearranjos cromossômicos no cariótipo, bem como um elevado número de pontos de DNAs repetitivos. Dos 12 pares de cromossomos de *G. carapo* que puderam ser diferenciados individualmente (GCA 1-3, 6, 7, 9, 14, 16 e 18-21), 8 pares (GCA 1, 2, 6, 7, 9, 14, 20, 21) tiveram homeologia conservada em GCC. Dos pares de GCA que marcam agrupados (GCA [4, 8], [5, 17], [10, 11] e [12, 13, 15]), a maioria manteve o número de sinais em GCC (GCA [5, 17], [10, 11] e [12, 13, 15]). Os demais cromossomos estão rearranjados no cariótipo de GCC. Apesar da relação filogenética próxima entre as espécies analisadas, o estudo com pintura cromossômica demonstrou uma intensa reorganização cariotípica, principalmente quando comparada com as espécies previamente estudadas por esta técnica.

CARACTERIZAÇÃO DE DUAS NOVAS POPULAÇÕES DE *Sternopygus macrurus* (STERNOPYGIDAE, GYMNOTIFORMES) NA BACIA AMAZÔNICA: rDNA 5S COMO MARCADOR POPULACIONAL

Pety A.M.¹, M.D.A. Machado¹, P.P. Rodrigues¹, J.C. Pieczarka¹, C.Y. Nagamachi¹. ¹Universidade Federal do Pará, UFPA, Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, ICB, Laboratório de Citogenética, Campus Guamá, Belém, PA, Brasil.
ananda_pety@hotmail.com

Sternopygus (Gymnotiformes, Sternopygidae) é um gênero monofilético de peixes elétricos Neotropicais, constituído por 10 espécies. Estudos citogenéticos foram realizados apenas na espécie *S. macrurus*, que apresenta ampla distribuição ao longo da América do Sul. Visando auxiliar na compreensão da dinâmica populacional, estudamos os cariótipos de exemplares de duas localidades da bacia Amazônica brasileira (Rio Caripetuba, Abaetetuba/Pará e Igarapé do Arli, Tefé/Amazonas) e comparamos com os dados descritos na literatura para esta espécie. As análises cromossômicas foram realizadas por coloração convencional, bandeamento C e FISH com sondas de rDNA 5S, 18S e sequências teloméricas. Todos os exemplares das duas regiões apresentaram o número diploide de 46 cromossomos. A heterocromatina constitutiva ocorre na região centromérica na maioria dos cromossomos, além de pequenas bandas em regiões intersticiais e distais em alguns pares. A sonda de rDNA 18S hibridizou em um sítio intersticial no braço longo, correspondente ao sítio da NOR. O rDNA 5S mostra diferença entre os exemplares das duas localidades, com a sonda marcando um único par na população de Caripetuba, na região distal do braço curto e em três pares na população do Igarapé do Arli, também na região distal do braço curto dos cromossomos. Nenhuma sequência intersticial telomérica foi evidente para ambas localidades. A diferença entre os cariótipos estudados aqui e os da literatura demonstram rearranjos cromossômicos que sugerem a presença de marcadores populacionais.

CA 17

CHROMOSOMAL AND GENOMIC DYNAMICS OF SATELLITE DNAs IN CHARACIDAE (CHARACIFORMES, TELEOSTEI) SPECIES

Porto-Foresti F.¹, P.H.D.M. Rodrigues¹, R.Z. Santos¹, D.M.Z.D.A. Silva², C.A.G. Goes¹, C. Oliveira², F. Foresti², R. Utsunomia¹. ¹Universidade Estadual Paulista UNESP, Bauru, SP, Brazil; ²Universidade Estadual Paulista UNESP, Botucatu, SP, Brazil. fp.foresti@unesp.br

Satellite DNAs (satDNAs) are tandemly repeated DNA sequences with great abundance in eukaryotic genomes. A single species may carry up to hundreds of satDNA families, which is collectively called as “satellitome”, each showing its own dynamics and evolution rates. In this context, all live species contain a satDNA library that may be partially or totally shared with other related species/populations. In the late few years, next generation sequencing (NGS) and novel bioinformatic tools facilitated the massive characterization of these sequences at low costs, and consequently, comparing satDNAs between species. In this study, we characterized two novel satDNAs (MsaSat03-80 and MsaSat04-142) in three characid fish (*Astyanax paranae* and *Astyanax fasciatus* and two populations of *Moenkhausia sanctaefilomenae*) and mapped their chromosomal location to unveil the evolutionary dynamics of satDNA repeats in those species. Our results evidenced that MsaSat03 is present in the genomes of all analyzed species, but is clustered only in the chromosomes of *M. sanctaefilomenae*, exhibiting a conserved number and location of sites. Conversely, MsaSat04 sequences is restricted to *M. sanctaefilomenae* and shows a differential distribution between the two analyzed populations. Altogether, our analyses point to a complex history of satDNA families in characid fish and the utility of NGS data for comparative satDNA analysis.

CA 18

CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE *Hemiodus orthonops* EIGENMANN & KENNEDY (1903) (PISCES, CHARACIFORMES) DEL RÍO PARANÁ (MISIONES-ARGENTINA)

Rau A.I.¹, M.F. Rivero¹, J.D. Caffetti¹, A.S. Fenocchio¹. ¹Laboratorio de Citogenética General y Monitoreo Ambiental, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Instituto de Biología Subtropical (UNaM-IBS-CONICET), Universidad Nacional de Misiones, Argentina. angemararau@gmail.com

Hemiodus orthonops es una especie endémica de la cuenca Paraguay-Paraná, conocida popularmente como sardina de río. Integra la familia Hemiodontidae, cuyos representantes se encuentran poco estudiados desde el punto de vista citogenético con respecto a otros miembros del orden Characiformes. El presente trabajo propone realizar una descripción cariotípica de ejemplares de *Hemiodus orthonops* con el fin de contribuir al conocimiento de la diversidad cariotípica de la ictiofauna de la provincia de Misiones. Para ello fueron colectados 30 individuos de *H. orthonops* en el tramo superior del río Paraná (Misiones, Argentina). Las preparaciones cromosómicas se obtuvieron mediante técnicas directas a partir de suspensiones celulares de tejido renal. Se realizaron técnicas de tinción convencional con Giemsa y coloraciones diferenciales Ag-NOR con el fin de localizar regiones organizadoras nucleolares y bandejo C para revelar la distribución de la heterocromatina. Las especies analizadas presentaron un $2n=54$ cromosomas distribuidos en 26 metacéntricos, 24 submetacéntricos y 4 subtelocéntricos. Las NORs fueron detectadas en la región telomérica del brazo largo de un par de cromosomas submetacéntricos. La heterocromatina se encontró ubicada en las regiones pericentroméricas de la mayoría de los cromosomas y en regiones teloméricas de los brazos largos de algunos cromosomas del complemento. Los resultados obtenidos para *H. orthonops* muestran una estructura cariotípica conservada con otras especies del género y familias del orden Characiformes.

MOLECULAR COMPOSITION AND EXTENSIVE RESHAPING OF NEO-Y OF THE GRASSHOPPER *Ronderosia bergii*

Ferretti A.B.S.M.¹, D. Milani¹, D.C. Cabral-de Mello¹. ¹Departamento de Biologia, UNESP, Univ. Estadual Paulista, Instituto de Biociências/IB, Rio Claro, São Paulo, Brazil. anabeatrizferretti@gmail.com

Ronderosia bergii has been a model to understand structure and evolution of neo-XY chromosomes in grasshoppers. Here by integration of cytogenetic and genomic data we advanced in the understanding of molecular composition and processes involved in the differentiation of the neo-sex system. Male and female genomic DNAs of *R. bergii* were sequenced by Illumina and we used SatMiner pipeline to prospect satellite DNAs (satDNA) and transposable elements (TE), focusing in sequences with higher abundance on males (putatively associated with neo-Y). A total of 54 satDNA were found, corresponding to 2.77% (male) and 2.44% (female) of genomes, 27 of those were more abundant on male genome. TE analyses reveal 84 families representing 12.77% (male) and 12.91% (female) of genomes. Only two TEs were more abundant in male genome. Mapping using Fluorescent *in situ* Hybridization (FISH) reveals 13 satDNA enriched on neo-Y, with clusters located in distinct regions. FISH mapping of TEs shows that they are clustered on centromere of neo-X chromosome and some autosomes, however, no signals were evidenced on neo-Y. The FISH analyses unveil three variants of neo-Y chromosome evidenced by satDNA locations, which putatively emerged by paracentric inversions of interstitial region of large arm, whereas telomeric regions and centromeres locations were maintained. Finally the data bring new information about neo-Y composition and suggest that this chromosome favored the emergence/amplification of satDNAs, considering that eight families were located exclusively in this chromosome.

MOLECULAR AND CHROMOSOMAL EVOLUTION OF SATELLITE DNAs IN *Schistocerca* GRASSHOPPERS

Cabral-de Mello D.C.¹, O.M. Palacios-Gimenez², D. Milani¹, H. Song³, D.A. Martí⁴. ¹Department of Biology, Institute of Biosciences, São Paulo State University (UNESP), Rio Claro, SP, Brazil; ²Department of Evolutionary Biology, Evolutionary Biology Center, Uppsala University, Sweden; ³Department of Entomology, Texas A&M University, College Station, TX, USA; ⁴Laboratorio de Genética Evolutiva, IBS, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Argentina. CONICET. cabral.mello@unesp.br

Satellite DNAs (satDNA) are non-protein-coding sequences tandemly repeated, representing one of the most abundant and highly dynamic parts of genomes. Understanding about molecular dynamics and chromosomal distribution among closely related species remains not well explored. Here we aimed a deeper knowledge about genome organization, satDNA library turnover and chromosomal evolution among *Schistocerca* grasshoppers. In this way, we investigated at genomic and chromosomal levels in a phylogenetic framework the evolution of three satDNAs in the genomes of *Schistocerca* that diverged about 7.9 million years ago. We found that even though the same satDNAs families are common component of the chromosomes across *Schistocerca* lineages, they present striking differences in molecular evolution, chromosomal distribution and genome proportion in specific lineages. Some modifications in satDNA chromosomal distribution and copy number fluctuation occurred in common ancestor of some species, contrasting with some independent events. Our data support the “library hypothesis” and we showed that satDNA repeats in *Schistocerca* are not created *de novo* but recycled from the existing library. We argued that the temporal activity/accumulation of satDNA sequences is consequence of the gradually and cohesively evolution of repeats, idea supported by the fluctuation in mutation number, genome abundance, nucleotide divergence and chromosomal distribution of repeats over evolutionary timescale.

CA 21

EVOLUTIONARY PATTERNS OF ORGANIZATION AND DIVERSITY OF SATELLITE DNA IN GRASSHOPPERS (ORTHOPTERA)

Martí E., D. Milani¹, D.C. Cabral-de Mello¹. ¹Departamento de Biologia, UNESP, Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências/IB, Rio Claro, São Paulo, Brazil. emilianomartil@gmail.com

Satellite DNAs (satDNAs) are one of the largest constitutive components of eukaryote genomes, comprising arrays of non-protein coding sequences tandemly repeated. Although the molecular mechanisms concerning the evolution of satDNA have been described many times, its evolution throughout the evolutionary history of species is still uncertain. Orthoptera is the most diversified group among the polyneopteran insects, resulting in a group of interest for evolutionary studies. Here we combine high-throughput analysis of satDNA content of three species belonging to different families of Orthoptera with chromosome mapping by fluorescent *in-situ* hybridization (FISH) in order to elucidate patterns of diversity and complexity of satDNA families alongside the evolutionary history of this group. Landscape and homology analyses revealed 58 families of satDNA including 4 superfamilies (SF) for *Cephalocoema sica* (Proscopiidae); in *Xyleus discoideusdiscoideus* (Romaleidae) 35 families and 2 SF; and in *Ommexecha walkeri* (Ommexechidae) 26 families and 1 SF, representing 3.29%, 4.04% and 2.63% of its genome, respectively. These satDNAs families present distinct chromosomal arrangements, like discrete clusters on centromeres or chromosomal arms, spread signals or non-clustered organization. Our results indicate more diversity and complexity of satDNA families on basal species of the phylogeny of grasshoppers. Although intriguingly, previously studied Acrididae species exhibited significant variation, probably related to the enormous diversification of this taxon.

CA 22

FIRST EVIDENCES THAT B CHROMOSOME OF *Xyleus discoideus* GRASSHOPPER SUBSPECIES COULD FOLLOW THE PROCESS OF SPECIATION

Milani D., A.B. Stein Machado Ferretti¹, V. Loreto², D. Cavalcanti Cabral-de Mello¹. ¹Department of Biology, Institute of Biosciences, Sao Paulo State University (UNESP), Rio Claro, SP, Brazil; ²Department of Genetics, Centre of Biological Sciences, Federal University of Pernambuco (UFPE), Recife, Brazil. azafta@gmail.com

B chromosomes are very intriguing additional elements in a karyotype. One interesting and low explored subject about Bs evolution is their origin in sister species. Here we searched for evidences to determine if Bs could follow the speciation process in two *Xyleus discoideus* subspecies. We sequenced by Illumina two genomes of *X. d. angulatus* and *X. d. discoideus* both 0B and +1B. Using SatMiner pipeline we searched for satDNAs in the genomes and performed a comparative analysis of abundance, divergence and FISH mapping with each satDNA. We found 34 satDNA in *X. d. discoideus* and 32 satDNA in *X. d. angulatus*, those represents, approximately, 3.02% and 4.04% of the genomes 0B, respectively. Only two satDNAs were specific of *X. d. angulatus* and three of *X. d. discoideus*. Both +1B genomes showed an increased amount of satDNA in comparison to 0B, 39% for *X. d. angulatus* and 13% for *X. d. discoideus*. Among the most abundant satDNAs on +1B genomes, five of them are shared between both sister species. FISH assays revealed the presence of clusters for six satDNA in *X. d. angulatus* and eight in *X. d. discoideus* B chromosomes, with three of them shared between subspecies. Those three satDNAs also showed similarity in chromosomal location for both Bs and normal complement, indicating common origin for these elements. The data presented suggests that these Bs could be originated before the divergence of these subspecies and survived through speciation.

ASSESSING THE EVOLUTIONARY HISTORY OF *Scotussa cliens* (STÅL, 1861): AN INTEGRATIVE CYTOGENETIC AND PHYLOGEOGRAPHIC APPROACH

Martí E.¹, C. Lanzzone^{2,3}, A. Taffarel^{2,3}, D.A. Martí^{2,3}, E.R. Castillo^{2,3}.

¹Departamento de Biología, UNESP-Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências/IB, Rio Claro, São Paulo, Brazil; ²Laboratorio de Genética Evolutiva, UNaM-Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Misiones, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
emilianomartil@gmail.com

Melanoplineae is the most inclusive New World subfamily of Orthoptera, comprising more than 1000 species. Both, molecular and chromosomal evidence suggest an enormous diversification in South America. In this group, Robertsonian translocations (Rb) are well represented, mostly as fixed rearrangements, being Rb polymorphisms less frequent. *Scotussa cliens* is a widely distributed melanoplineae with an all-telocentric karyotype $2n=21/22$, modified by the occurrence of an Rb fusion between autosomes L2 and M4. We present an integrative analysis of chromosomal, environmental and molecular data from 17 natural populations of *S. cliens*, spanning most of its distribution area, with the aim of understanding the evolutionary history of the species. The meiotic analyses revealed a marked redistribution of chiasmata towards distal positions in trivalents and submetacentric bivalents. Populational cytogenetic analyses showed a higher occurrence of the Rb submetacentric towards the Northeastern (NE) sampled areas. The geographic distribution of polymorphism frequencies showed positive correlations with rainfall estimators. This result suggests a significant role of environmental humidity in the variability of this species. Analysis with cytochrome oxidase subunit I revealed similar geographic patterns, indicating more suitability and demographic stability in NE populations. Finally, the phylogeographic structure in mitochondrial lineages suggests that both ancient historical and more recent demographic processes shaped the current distribution patterns of genetic variability in this species.

CARIOTIPO, DESARROLLO MEIÓTICO MASCULINO Y EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN LA ESPECIE ECTOPARÁSITA *Cyanolicimex patagonicus* (HEMIPTERA, HETEROPTERA, CIMICIDAE, HAEMATOSIPHONINAE)

Bressa M.J.¹, M.J. Zarza¹, M.G. Chirino^{1,2}, E.R. Steinberg³, P. Turienzo⁴, O. Di Iorio⁴. ¹EGEBA, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Laboratorio de Entomología Aplicada y Forense, Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes, Argentina; ³Grupo de Investigación en Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (CONICET), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ⁴Entomología, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina.
mjbressa@ege.fcen.uba.ar

Cyanolicimex patagonicus es una chinche ectoparásita primaria del loro barranquero *Cyanoliseus patagonus*. Dentro de Haematosiphoninae las relaciones filogenéticas de *Cyanolicimex* aún no están resueltas dado que comparte caracteres con *Acanthocrios*, *Ornithocoris* y *Psitticimex* (Región Neotropical) y posee similitudes con *Hesperocimex* (Región Neártica). En este trabajo se analizó el cariotipo y la meiosis masculina de *C. patagonicus* por tinción convencional y DAPI. *Cyanolicimex patagonicus* presenta un $2n=31=28+X_1X_2Y$ y cromosomas holocinéticos. Los bivalentes autosómicos (II) decrecen gradualmente de tamaño, siendo los Xs de tamaño mediano y el Y el más pequeño del complemento. En la profase meiótica I no se observa diplotene ni diacinesis. Luego del estadio difuso, los II se vuelven a condensar y no presentan quiasmas. Los cromosomas homólogos se disponen uno al lado del otro, mientras que los Xs e Y se comportan como univalentes (I). En metafase I los 14 II se disponen en anillo y entre ellos los I sexuales que se distinguen por estar compuestos de dos cromátides cada uno. En metafase II los Xs e Y se asocian formando un pseudo-trivalente X_1X_2Y dispuesto en el centro del anillo de autosomas. Estos resultados demuestran que la meiosis masculina es equiasmática y de tipo colochores, la que podría ser considerada como una característica citogenética compartida por los cimícidos. Además, permiten proponer a *Cyanolicimex* como el género hermano de *Psitticimex* ($2n=31=28+X_1X_2Y$) y sugerir los principales mecanismos involucrados en la evolución del cariotipo en Haematosiphoninae.

CA 25

VARIACIÓN EN LA HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA EN *Jadera* (HETEROPTERA, RHOPALIDAE) Y SU POSIBLE PAPEL EN LA DIVERGENCIA EVOLUTIVA A NIVEL CROMOSÓMICO

Zarza M.J.¹, M.J. Bressa¹. ¹Citogenética de Insectos, IEGEBA, Depto. Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. julieta.zarza@gmail.com

La heterocromatina es uno de los componentes más dinámicos en el genoma de las especies. En Heteroptera, los antecedentes sobre el patrón de distribución de la heterocromatina constitutiva demostraron que las bandas C+ se localizan en regiones terminales en algunos o todos los cromosomas, aunque más recientemente se describieron bandas C+ intersticiales en unas pocas especies. En este trabajo se analizaron preparaciones cromosómicas de machos de *Jadera haematoloma* mediante bandas C con el fin de determinar el contenido y distribución de la heterocromatina constitutiva. Esta especie posee cromosomas holocinéticos y un $2n=13/14$ (♂/♀) con un par autosómico mayor, un par de m diminutos y el X de tamaño pequeño. La caracterización de la heterocromatina constitutiva reveló que *J. haematoloma* presenta bandas C+ puntiformes dispersas en la cromatina autosómica y terminales en el cromosoma X en la profase meiótica temprana I. A medida que progresa la condensación cromosómica, las bandas C+ del X dejan de ser perceptibles y en metafase I se observan bandas C+ intersticiales en ambos homólogos de un bivalente autosómico (II) mediano y sólo en uno de los homólogos de otro II mediano. De estos resultados se concluye que *J. haematoloma* presenta un heteromorfismo para presencia/ausencia de bandas C+ y un mayor contenido de heterocromatina constitutiva que *J. sanguinolenta* previamente estudiada. La acumulación de heterocromatina constitutiva en el genoma estaría involucrada en la diferenciación genética a nivel cromosómico y en la evolución del cariotipo en especies de *Jadera*.

CA 26

GENETIC SEXING STRAINS TO CONTROL FRUIT FLIES POPULATIONS: WHY DO THEY FAIL TO SUCCEED?

Basso Abraham A.L.¹. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina. abasso@agro.uba.ar

The development of a unique genetic sexing strain to control fruit fly populations has repeatedly failed. We previously demonstrated that the autosexing mechanism must be developed on the germplasm of the population to be controlled. We here studied the genotype by environment interaction component of phenotypic variation in *Anastrepha fraterculus* (Wied.). Our hypothesis: chromosomal variants are not randomly distributed in *A. fraterculus* populations. We sampled guava fruits from Argentina, Uruguay and Brazil during two years to recover larvae and adult flies. We studied the chromosomal pattern of 879 larvae from wild populations and derived strains. Banding patterns were obtained with routine and molecular cytogenetics. Sexual chromosome variants were associated to different strains. We computed a log lineal analysis of the data set in order to test the hypothesis of inertia and to get probabilistic estimates of relevant parameters associated with chromosome variation. We used a test of hypothesis to determine the existence of statistically significant associations between karyotypic frequencies relative to chromosome variation. Analysis showed ten sexual chromosome variants and highly significant chromosome x site interaction, significant differentiation between observed data and those merely expected from inertia. Our results clearly show the necessity of studying the genotype by environment interaction parameter to identify the right germplasms on which to develop the autosexing mechanism in order to successfully control populations of the insect.

CARACTERIZACIÓN DEL NEO-XY CRÍPTICO DE *Orthemis ambinigra* CALVERT, 1909 (ODONATA, LIBELLULIDAE)

Mola L.M., S.S. Agopian¹. ¹Laboratorio de Citogenética y Evolución,
Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA-
IEGEB (CONICET-UBA), Buenos Aires, Argentina.
lilimola@yahoo.com.ar

Orthemis es un género de libélulas americanas que se encuentra principalmente en la región neotropical. Los estudios en seis especies de este género mostraron una gran variación en el número cromosómico ($2n=7$ a 41) y en dos la presencia del sistema cromosómico de determinación del sexo neo-XY, aunque en ningún caso se pudo identificar el par sexual. En este trabajo se analiza la espermatogénesis de *O. ambinigra* en individuos de las provincias de Misiones y Buenos Aires (Argentina) con hematoxilina, bandas C y tinción secuencial DAPI/CMA3. Esta especie presenta un complemento reducido, $2n=12$ y $n=5+neo-XY$, todos los cromosomas son de tamaño semejante y todos los bivalentes son homomórficos a partir de diploteno. En el paquiteno el bivalente sexual presenta un *loop* intersticial, que correspondería al X original no apareado. En mitosis espermatogonial y meiosis todos los cromosomas presentan bandas C, DAPI y CMA3 positivas teloméricas, mientras que un cromosoma presenta además una extensa banda positiva medial. El complemento de *O. ambinigra* habría surgido por fusiones autosómicas a partir del cariotipo ancestral del género ($2n=22A+X$ en machos) y por la fusión intercalar del X en un autosoma. Como el cromosoma X original es el más pequeño del complemento, el heteromorfismo del neo-XY no sería detectable. Las tinciones que revelan heterocromatina constitutiva han permitido identificar el bivalente sexual. Se propone que el cromosoma con la extensa banda heterocromática medial correspondería al neo-Y y que el neo sistema de esta especie tendría un origen evolutivo antiguo.