

CA

CITOGENÉTICA  
ANIMAL

ANIMAL  
CYTOGENETICS



## CA 1

## DINÁMICA EVOLUTIVA DE LA REGIÓN ORGANIZADORA NUCLEOLAR EN PRIMATES DEL NUEVO MUNDO (PLATYRRHINI)

Maladesky L.<sup>1</sup>, D.Y. Estevez<sup>2,3</sup>, M. Rotundo<sup>4</sup>, A. García De La Chica<sup>4</sup>, A. Gangone<sup>1</sup>, J. Stramelini<sup>1</sup>, M.J. Bressa<sup>2</sup>, E. Fernández Duque<sup>4,5,6</sup>, M.D. Mudry<sup>1</sup>, E.R. Steinberg<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Departamento de Ecología, Genética y Evolución (EGE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN), Universidad de Buenos Aires (UBA), CONICET, CABA, Argentina; <sup>2</sup>Grupo de Citogenética de Insectos, IEGEB, DEGE, FCEyN, UBA, CONICET, CABA; Argentina; <sup>3</sup>Laboratorio de Biotecnología, IIPAAS, FCA, UNLZ, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Proyecto Mirikiná- Fundación Ecosistemas del Chaco Oriental (ECO), Formosa, Argentina; <sup>5</sup>Department of Anthropology, Yale University, New Haven, United States of America; <sup>6</sup>Facultad de Recursos Naturales, Universidad Nacional de Formosa (UNaF), Formosa, Argentina. E-mail: lilamaladesky@gmail.com

Los genes ribosomales, familia de secuencias repetidas en tándem ampliamente utilizadas en citogenética evolutiva, constituyen una variable altamente informativa como marcador cromosómico. Las Regiones Organizadoras Nucleolares (NORs) son las regiones cromosómicas que los contienen, donde se organiza el nucléolo, y su número puede variar de una especie a otra. Se determinó el número y localización de las NORs con tinción de plata (Ag-NOR) en *Alouatta caraya*, *A. guariba clamitans*, *Aotus azarae* y *Cebus cay*. Se analizaron metafases de sangre periférica de dos machos y dos hembras de *A. caraya*, dos machos de *A. g. clamitans*, un macho y una hembra de *A. azarae* y dos machos y dos hembras de *C. cay* de zoológicos y centros de cría de Argentina y Brasil. Se observaron bandas Ag-NOR proximales en el brazo q de dos pares cromosómicos acrocéntricos de *A. caraya*, *A. g. clamitans* y *C. cay*. Se observó una banda Ag-NOR intersticial en un único par metacéntrico de *A. azarae*. La homeología de las NORs con cromosomas humanos coincidió en *A. caraya* con los pares 1 y 3 (en asociación con sintenia 3/21), en *A. g. clamitans* con el 3 (3/21) y el 10, en *A. azarae* con el par 1 (3/21) y en *C. cay* con el par 1. Desde una perspectiva evolutiva, un 87% de las NORs en Platyrrhini se ubican en regiones con homeología con los cromosomas humanos 1 y 3 (sintenia 3/21) y colocalizan con regiones de ruptura cromosómica en el 90% (17/19) de las especies estudiadas. Estos resultados evidencian la importancia de la distribución y dinámica de estas secuencias repetitivas como variable genética de análisis evolutivo en primates.

## CA 2

## CARACTERIZACIÓN CARIOLÓGICA DE UNA YEGUA CUARTO DE MILLA CON DISMINUCIÓN DE SU PERFIL REPRODUCTIVO

Estévez D.Y.<sup>1,2</sup>, A.M. Montes<sup>3,4</sup>, E.R. Steinberg<sup>5</sup>, E. Género<sup>2</sup>, M.D. Mudry<sup>5</sup>, M.J. Bressa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Citogenética de Insectos, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina; <sup>2</sup>Laboratorio de Biotecnología, Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria Ambiente y Salud (IIPAAS), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes-Chaco, Argentina; <sup>4</sup>Establecimiento Haras El Remanso, Corrientes, Argentina; <sup>5</sup>Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CONICET, CABA, Argentina. E-mail: daniela.y.estevez@gmail.com

Los estudios citogenéticos en *Equus* permiten identificar mutaciones cromosómicas asociadas con anomalías congénitas, disminución/ausencia total de producción de gametos funcionales y/o pérdida embrionaria. Los estudios clínicos de la yegua *Lock Lady Car* (Haras El Remanso, Corrientes, República Argentina) mostraron ausencia de celo o celo escaso y/o anormal, baja libido y pobre aceptación o rechazo al macho durante las diferentes temporadas reproductivas e hipoplasia gonadal. La caracterización cariológica por tinción uniforme y bandas G y C evidenciaron la presencia de mosaicismo sanguíneo cromosómico  $-2n=64$ , 110 células (50%);  $2n=62$ , 66 células (30%); otras aneuploidías, 44 células (20%)-. A fin de ampliar la caracterización de los cromosomas involucrados en las aneuploidías observadas, se llevó a cabo el estudio citogenético con bandas secuenciales fluorescentes (DAPI/CMA<sub>3</sub>, para detectar zonas ricas en AT y GC, respectivamente) en metafases de sangre periférica. Se observaron bandas DAPI+/CMA<sub>3</sub>- que se corresponden con las bandas G. Se observaron bandas DAPI-/CMA<sub>3</sub>+ de tamaño variable en regiones centroméricas de todos los cromosomas del complemento que se corresponden con bandas C+, en una o ambas regiones teloméricas (e.g. pares 1, 5, 7, 10, 12, 22, 24-26, 29), e intersticiales (e.g. pares 1, 4, 15, 20). El patrón de bandas cromosómicas fluorescentes en la yegua *Lock Lady Car* permitió profundizar la caracterización del cariotipo e identificar los cromosomas involucrados en las aneuploidías según contenido, distribución y localización de secuencias de bases específicas.

### CA 3

## OPTIMIZACIÓN DEL ANÁLISIS CROMOSÓMICO EN CANINOS. UN APOORTE DESDE LA CARIOTIPIFICACIÓN DE CANINOS CON LINFOMAS

Caliri M.<sup>1,2</sup>, D. Ferré<sup>1,2</sup>, M. Nieves<sup>2,3</sup>, M. Vozdová<sup>4</sup>, S. Kubickova<sup>4</sup>, F. Laudadio<sup>1</sup>, N. Gorla<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción (GenAR), Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza, Argentina; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>3</sup>Centro de Investigaciones en Reproducción Humana y Experimental CIRHE- Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas "Norberto Quirno" CEMIC, CABA, Argentina; <sup>4</sup>Veterinary Research Institute, República Checa. E-mail: noragorla@gmail.com

El linfoma es la neoplasia hematopoyética más frecuente en perros (*Canis familiaris*, CF), y un modelo establecido del linfoma no Hodgkin humano. El cariotipo de CF se considera entre los más difíciles de generar, dentro de los mamíferos, por el alto número de cromosomas ( $2n=78$ ), todos acrocéntricos, pequeños, con disminución muy gradual de tamaño. El objetivo de este resumen es presentar un protocolo de rutina para el estudio de alteraciones cromosómicas (AC) en caninos con cáncer. Se obtuvieron metafases de cuatro caninos adultos con linfoma mediante cultivo de linfocitos (72h) y realizaron extendidos a distintas temperaturas y humedad ambiente; se realizó coloración Giemsa (G), bandedo GTG, FISH centromérico de CF, análisis de 20 metafases para buscar AC y cariotipificación. Se detectaron en promedio 8,6 AC por canino, significativamente diferente respecto de los niveles basales para CF en roturas, asociación telomérica, gaps, trisomía y metafases pegajosas. Con GTG se observó concordancia de roturas en el cromosoma CF 11. FISH aportó a la orientación de los acrocéntricos. Para estudios en CF con recursos básicos sugerimos: a. obtener extendidos a 20° C y 50% humedad, b. implementar FISH centromérico para un correcto recuento de cromosomas, c. buscar AC estructurales con coloración Giemsa, d. realizar GTG para la localización cromosómica de las AC. En CF, este triple análisis puede ser una forma de abordaje informativo dado que las AC pueden ayudar a diagnosticar los tumores, así como a dar un pronóstico más preciso de las mutaciones específicas presentes.

### CA 4

## LAS TASAS DE RECOMBINACIÓN EN ARMADILLOS CONFIRMAN LA EXISTENCIA DE UNA TENDENCIA FILOGENÉTICA DE DICHO PARÁMETRO ENTRE LOS MAMÍFEROS

Rossi L.F., M.I. Pigozzi. Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Buenos Aires-CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mpigozzi@fmed.uba.ar

En los mamíferos se han observado tasas de recombinación más bajas en especies de divergencia temprana respecto de especies pertenecientes a ramas filogenéticas derivadas con posterioridad. Aunque este análisis incluye representantes de Marsupiales, hay datos de sólo dos especies de euterios basales del orden Afrotheria. En este trabajo nos planteamos determinar si esta señal filogenética se mantiene al analizar especies del orden Xenarthra que, junto con los Afrotheria, representan las divergencias más tempranas entre los mamíferos euterianos. Con este fin, estimamos las tasas de recombinación genómica en tres especies de armadillos (*Xenarthra*, *Dasypodidae*) mediante el recuento de focos de la proteína MHL1 que marca los eventos de recombinación durante el paquitene. El número de focos multiplicado por 50 unidades de mapa proporciona la longitud total del mapa genético (cM), la cual dividida por el tamaño del genoma en megabases (Mb) permite calcular las tasas globales de recombinación. Encontramos que en las especies de armadillo analizadas la tasa de recombinación es  $\sim 0,45$  cM/Mb, siendo más del doble que en Afrotheria, y entre 50 y 100% menores que en mamíferos de divergencia más reciente. Nuestros datos confirman la hipótesis sobre la existencia de un componente filogenético direccional en las tasas de recombinación en los mamíferos. Analizar un número mayor de especies pertenecientes a cada orden podría dar precisiones sobre las causas de esta relación entre filogenia y los niveles globales de recombinación genómica.

## CA 5

## ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO COMPARATIVO DE CUATRO ESPECIES DE TRICHOPTERA (INSECTA) NEOTROPICALES

Zarza M.J.<sup>1</sup>, M. Lovaglio Diez<sup>2</sup>, M.J. Bressa<sup>1</sup>, S.G. Rodríguez Gil<sup>3,4</sup>, A.G. Papeschi<sup>5</sup>, J.V. Sganga<sup>2,4</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Citogenética de Insectos, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina; <sup>2</sup>Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CABA, Argentina; <sup>3</sup>Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CONICET-UNLP-CIC), La Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup> CONICET, CABA, Argentina; <sup>5</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, CABA, Argentina. E-mail: mjbressa@ege.fcen.uba.ar

Trichoptera es uno de los órdenes de insectos más importantes en las cadenas alimentarias de los ríos, debido a que las larvas y los desoves forman parte de la dieta de los peces de agua dulce. Además, son útiles como bioindicadores por ser sensibles a la contaminación del agua y lo suficientemente grandes como para ser evaluados en el campo. A pesar de su importancia en ambientes de agua dulce, se desconocen aspectos fundamentales de su cariología en especies neotropicales. En este trabajo se analiza el cariotipo y el desarrollo meiótico de cuatro especies de Trichoptera neotropicales, recolectadas en diferentes arroyos de las provincias de Misiones y Buenos Aires (Argentina). Los complementos cromosómicos somáticos que se encontraron son  $2n= 31/32$  (hembra/macho) en *Smicridea (Rhyacophylax) pampeana* (Annulipalpia: Hydropsychidae),  $2n= 57$  (hembra) en *Marilia flexuosa* (Integripalpia: Odontoceridae),  $2n= 47$  (hembra) en *Triplectides misionensis* (Integripalpia: Leptoceridae) y  $2n= 35$  (hembra) en *Grumicha grumicha* (Integripalpia: Sericostomatidae). Las cuatro especies estudiadas poseen cromosomas holocinéticos y un sistema cromosómico sexual simple Z/ZZ (hembra/macho). Las hembras son el sexo heterogamético y su meiosis es aquiasmática. Nuestros resultados junto con los datos citogenéticos disponibles aportan más información sobre la cariología de Trichoptera y contribuyen a profundizar en el conocimiento científico actual de los posibles mecanismos implicados en la evolución cromosómica en las especies de Trichoptera estudiadas citogenéticamente hasta el presente.