



**BAG**  
Journal of  
Basic & Applied Genetics

---

**COMUNICACIONES  
LIBRES**

---



**CA**

**CITOGENÉTICA  
ANIMAL**



## CA 1

### ANÁLISIS INMUNOCITOLÓGICO DE LA RECOMBINACIÓN EN EL ÑANDÚ (*Rhea americana*)

del Priore L<sup>1</sup>, L Bernad<sup>2</sup>, NO Maceira<sup>2</sup>, MI Pigozzi<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>INBIOMED, Facultad de Medicina, UBA, <sup>2</sup>Grupo de Recursos Naturales y Gestión Ambiental (INTA Balcarce).  
 e-mail: mpigozzi@fmed.uba.ar

Los mapas genéticos basados en estudios de ligamiento proveen estimaciones precisas de la recombinación entre marcadores. Sin embargo, en especies no tradicionales estos datos no existen o son fragmentarios. En estos casos la recombinación puede analizarse de manera simple mediante métodos citológicos, los cuales sirven de base para planificar mapeos de *crossing over* de alta resolución a futuro. En este trabajo presentamos una estimación del mapa genético total de la hembra del ñandú (*Rhea americana*), mediante inmunolocalización de la proteína reparadora de heteroduplex MLH1 que marca los sitios de *crossing over* durante el paquitene. Se realizaron microextendidos de ovocitos de tres hembras y se mapearon los focos de MLH1 sobre los complejos sinaptonémicos de 100 núcleos. La longitud total de recombinación del genoma del ñandú basada en el número promedio de focos es de 2925 cM, incluyendo la recombinación del par ZW. Esta longitud de mapa es menor que la observada en las hembras de *Gallus domesticus*, una especie con cariotipo muy similar al del ñandú. La distribución de los focos de MLH1 en los macrobivalentes, presenta variaciones poco marcadas en posiciones intersticiales, mientras que se observan frecuencias menores cercanas a los centrómeros y frecuencias mayores cerca de los telómeros. Esto implica que los genes localizados en regiones proximales de los cromosomas mostrarán un mayor ligamiento genético que los marcadores físicamente equidistantes que se encuentren cerca de los telómeros.

## CA 2

### INVERSIONES PERICÉNTRICAS EN MELANOPLINAE; EL CASO DE *Dichroplus intermedius* RONDEROS, 1976

Castillo ER<sup>1,2,3</sup>, A Taffarel<sup>1,2,3</sup>, FN Acuña<sup>1</sup>, DA Martí<sup>1,2</sup>.  
<sup>1</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva, IBS UNaM-CONICET. Félix de Azara 1552-C.P.3300-Posadas-Misiones-Argentina, <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), <sup>3</sup>Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica (CEDIT).

e-mail: castillo.eliorodrigo@gmail.com

Nuestro estudio citológico preliminar en la tucura *Dichroplus intermedius*, mostró un incremento en el Número Fundamental (NF) de su cariotipo, respecto de aquel que presentan las restantes especies del grupo *D. elongatus*: *D. elongatus*, *D. exilis* y *D. fuscus*. Con el objeto de analizar el origen de ésta reestructuración cariotípica, estudiamos la mitosis y meiosis de individuos de diferentes poblaciones argentinas, utilizando distintas técnicas de tinción cromosómica e hipotetizamos que la fijación de sendas inversiones pericéntricas (IP), en el cariotipo de *Dichroplus intermedius* sería el evento más plausible para explicar dicho cambio. Los resultados muestran un  $2n=23♂/24♀$ ,  $NF=23♂/24♀$  y un mecanismo de determinación sexual X0/XX, en *D. elongatus*, *D. exilis* y *D. fuscus*, mientras que en *D. intermedius* si bien mantiene este número cromosómico, en células meióticas y mitóticas observamos dos pares de cromosomas bibraquiados, el par M8 metacéntrico y el S9 submetacéntrico en todos los individuos analizados, incrementando su NF a  $27♂/28♀$ . Esta característica, que la distingue del resto de las especies del grupo, es el primer registro de una IP fijada en dos pares de autosomas en melanoplino sudamericano. Se discute el origen independiente de dos IP en *D. intermedius*, su establecimiento en la especie a pesar de que son individualmente subdominantes, con efectos deletéreos y poseer una demostrada eficacia como barrera reproductiva, pudiendo de esta manera haber sido un coadyuvante en los procesos de cladogénesis. Parcialmente financiado por PIP-CONICET 11420100100312.

## CA 3

### CARACTERIZACIÓN CITOGÉNÉTICA DE *Seriolella violacea* (GUICHENOT, 1848) (PERCIFORMES: CENTROLOPHIDAE). BANDEO CROMOSÓMICO

Palma-Rojas C<sup>1</sup>, C Araya<sup>2</sup>, E von Brand<sup>3</sup>, P Jara-Seguel<sup>4</sup>, A Silva<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biología, Universidad de La Serena, Chile, <sup>2</sup>Laboratorio de Biología e Genética de Peixes, Unesp-Botucatu, Brasil, <sup>3</sup>Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Chile, <sup>4</sup>Escuela de Cs Ambientales, Fac. de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, Chile.  
 e-mail: cpalma@userena.cl

Se reconocen 11 especies de *Seriolella* de las cuales



tres se encuentran en las costas Chilenas. *Seriolella violacea* es de crecimiento rápido. Por su importancia comercial están en desarrollo etapas experimentales para su introducción al cultivo. No hay antecedentes cromosómicos disponibles para ninguna de las especies descritas y solo se conoce el tamaño genómico de *S.punctata* ( $C=0,78$  pg). Para aumentar el conocimiento biológico básico de *Seriolella violacea* se describe su cariotipo (con técnicas clásicas y moleculares) y su tamaño genómico. Los cromosomas se obtuvieron de suspensiones celulares de tejido hematopoyético renal de individuos previamente colchicinados. El tamaño genómico se determinó por microdensitometría en núcleos de eritrocitos utilizando como patrón eritrocitos de pollo. Para las bandas C y  $CMA_3$  se utilizaron las técnicas descritas por Summer (1972) y Bertollo (1993) respectivamente. La localización del NOR se realizó según Howell & Black (1978). Para el mapeamiento físico de los genes 5S y 18S se utilizaron sondas marcadas con biotina y digoxigenina respectivamente. *Seriolella violacea* tiene un tamaño genómico de  $C=0,82$  pg y un cariotipo completamente telocéntrico  $2n=48$ . El NOR se localiza en los telómeros C y  $CMA_3$  positivos del par 2 y los genes ribosomales 5S y 18S sobre los bloques heterocromáticos del par 1 y 2 respectivamente. El valor C es similar al descrito para otras 4 especies dentro de la familia y la caracterización citogenética descrita es la primera para una especie de este género. Financiamiento parcial DGIP/UCN 2010-2011 de E. von Brand

#### CA 4

### CYTOGENETIC STUDY OF TWO *Astyanax altiparanae* (CHARACIDAE) POPULATIONS FROM THE ARAGUARI RIVER BASIN (UBERLÂNDIA, MG, BR)

Oliveira Júnior RJ<sup>1</sup>, AR Torres-Mariano<sup>2</sup>, S Morelli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Federal University of Uberlândia, MG, Brazil, <sup>2</sup>State University of Piauí, Parnaíba, PI, Brazil.  
e-mail: morelli@ufu.br

The species *Astyanax altiparanae* is popularly known as the yellow-tailed lambari. The purpose of this study was to make a cytogenetic comparison of two populations of *Astyanax altiparanae* (from the Pedras River and the Glória Stream). Conventional Giemsa staining revealed a diploid number equal to 50 chromosomes without karyotypic variations in the number of metacentric and submetacentric chromosomes. C-banding revealed large

heterochromatic blocks in the smaller arm of the second pair of submetacentric chromosomes of both populations, which also contains nucleolus-organizing regions (NORs) evidenced by silver nitrate impregnation. Heterochromatic blocks were also found in three chromosomal different locations: interstitial, telomeric and pericentromeric bands in chromosomal distinct types, with no variations in the location of the bands from one population to the other. Staining with Chromomycin A<sub>3</sub> revealed a differentiated marker pattern between the two populations. The smaller arm of the second pair of submetacentric chromosomes was marked in both populations, while only the individuals of the Glória Stream displayed other markings. The cytogenetic data obtained in this study allow one to differentiate the two populations of *Astyanax altiparanae*.

#### CA 5

### DISTRIBUCIÓN DE LAS REGIONES ORGANIZADORAS NUCLEOLARES EN DOS ESPECIES DE GELECHIIDAE

Carabajal Paladino LZ<sup>1</sup>, P Nguyen<sup>2</sup>, JL Cladera<sup>1</sup>, F Marec<sup>2</sup>, MJ Bressa<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética, INTA Castelar, <sup>2</sup>Institute of Entomology, Biology Centre ASCR, <sup>3</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA.  
e-mail: leonela.carabajal@gmail.com

El cariotipo de Lepidoptera es relativamente estable en cuanto a su número cromosómico. Sus cromosomas son de naturaleza holocinética, por lo que la ausencia de una constricción primaria limita los estudios evolutivos mediante técnicas de citogenética clásica. Sin embargo, la descripción del número y localización de las regiones organizadoras nucleolares (NORs) puede ser de utilidad para describir la evolución del cariotipo en este orden. El objetivo del presente trabajo fue analizar la distribución de las NORs en dos especies de Gelechiidae: la polilla del tubérculo de papa *Phthorimaea operculella* y la polilla del tomate *Tuta absoluta*. A tal fin se emplearon las técnicas de hibridación *in situ* fluorescente (FISH) y de FISH con amplificación de señal por tiramida (TSA-FISH) en células en estadio de paquitene, utilizando una sonda de ADN ribosomal 18S de *Cydia pomonella* (Tortricidae). *Phthorimaea operculella* tiene  $n=29$  cromosomas y muestra dos señales de hibridación en las regiones terminales de un único bivalente; por otro lado, *Tuta absoluta* tiene el mismo número cromosómico y dos señales de hibridación, pero cada



una localizada en una de las regiones terminales de dos bivalentes. Esta variabilidad es coincidente con la dinámica evolutiva de los “clusters” de genes ribosomales previamente descripta en Lepidoptera, la cual es atribuida a fenómenos de recombinación ectópica entre secuencias repetitivas de cromosomas no homólogos.

## CA 6

### CITÓTIPOS SIMPÁTRICOS EM *Geophagus brasiliensis* (QUOY & GAIMARD, 1824) DA BACIA DO RIO DOCE, BRASIL

Silva APA, JA Dergam. Departamento de Biología Animal; Universidade Federal de Viçosa, Mina Gerais, Brasil.  
e-mail: anapaula-ssdd@hotmail.com

*Geophagus brasiliensis* é um ciclídeo de ampla distribuição nas bacias hidrográficas brasileiras. Na América do Sul, as populações caracterizam-se por apresentar  $2N=48$  cromossomos, com morfologia variável em termos de número de braços (50 – 56). O presente estudo visa analisar a citogenética da população de seis amostras ( $N$  total= 35; 19 machos e 16 fêmeas) de *G. brasiliensis* da calha e de lagoas na bacia do Rio Doce, usando técnica de coloração convencional com Giemsa. A obtenção dos cromossomos mitóticos foi direta, a partir do rim anterior. Todos os espécimes apresentaram número diplóide constante e igual a 48 cromossomos. O número fundamental variou entre 50 e 52, com três fórmulas cariotípicas ( $2m/sm,46st/t$ ;  $3m/sm,43st/t$  e  $4m/sm,44st/t$ ) e quatro cariótipos. Essa variação foi relacionada a diferenças morfológicas encontradas no par cromossômico 1 e ao número de metacêntricos presentes. Os quatro diferentes cariótipos foram definidos com base na morfologia do par 1: o cariótipo 1 apresenta um submetacêntrico e um subtlocêntrico. O cariótipo 2 apresenta dois subtlocêntricos de tamanho diferentes. Os cariótipos 3 e 4 possuem dois submetacêntricos, mas diferenciam-se pelo tamanho total do primeiro par e a relação entre os braços cromossômicos. A ocorrência destes cariótipos foi independente do sexo, da localização das regiões organizadoras de nucléolos e da localização geográfica das amostras. Esses resultados corroboram estudos anteriores que indicam que esta bacia apresenta altos níveis de diferenciação genética de algumas espécies de peixes. Apoio: CAPES e FAPEMIG

### ESTUDIOS CITOGENÉTICOS EN *Tityus trivittatus* KRAEPELIN 1898 Y *Tityus confluens* BORELLI 1899 (BUTHIDAE, SCORPIONES)

Adilardi RS<sup>1</sup>, AA Ojanguren Affilastro<sup>2</sup>, D Hermann<sup>3</sup>, C Guilleron<sup>3</sup>, LM Mola<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Lab. de Citogenética y Evolución, Dpto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, <sup>2</sup>División de Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, C.A.B.A., <sup>3</sup>Instituto Nacional de Producción de Biológicos - ANLIS-Malbrán.  
e-mail: rsadilardi@yahoo.com.ar

En Argentina las dos especies de escorpiones de mayor importancia sanitaria son *Tityus trivittatus* y *T. confluens*, siendo sus picaduras potencialmente mortales. La primera es una especie partenogénica facultativa que habita en zonas de Chaco húmedo, y que también se transformó en una especie sinantrópica en la mayoría de las ciudades del país. La segunda posiblemente también sea partenogénica facultativa, habita en zonas de Chaco seco y presenta una menor presencia peridomiliaria. El género *Tityus* tiene cromosomas holocinéticos y variación inter- e intraespecífica en el número cromosómico. Analizamos el cariotipo y la distribución de la heterocromatina en hembras adultas y embriones de ambas especies de la Provincia de Catamarca (Argentina). Las preparaciones se realizaron por dispersión y tinción con Giemsa y DAPI. Ambas especies presentan  $2n=6$  y un cariotipo similar. En el complemento se distingue un par ligeramente mayor, siendo los cuatro cromosomas restantes de tamaño similar. En ambas el par mayor presenta bandas DAPI+ en regiones subterminales, y un par de cromosomas medianos tienen bandas DAPI+ de mayor intensidad en una de las regiones terminales. El número diploide de estos ejemplares es uno de los más bajos del orden, junto con los ejemplares de *T. bahiensis* con  $2n=5$  y 6. En ejemplares de Brasil se ha comunicado  $2n=13$  para *T. confluens* y  $2n=14$  para *T. trivittatus*, mostrando estas especies también politipismo para el número, aunque teniendo en cuenta los problemas en la sistemática del género, existe la posibilidad de que se trate de especies diferentes.

## CA 8

### FILOGENIA EN MONOS AULLADORES





### (*Alouatta* sp.): ANÁLISIS DE DATOS CROMOSÓMICOS Y MOLECULARES

Steinberg ER<sup>1,2</sup>, M Nieves<sup>1,2</sup>, MD Mudry<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), Depto. de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA, FCEyN – UBA, <sup>2</sup>CONICET. e-mail: steinberg@ege.fcen.uba.ar

La sistemática de los monos aulladores, *Alouatta* sp., continúa siendo un tema de debate, con autores que describen de 9 a 14 especies, sin un consenso respecto a las relaciones taxonómicas. A fin de lograr una caracterización más precisa del género, los estudios moleculares y citogenéticos constituyen una útil herramienta como complemento de datos morfológicos y ecológicos. Los análisis cromosómicos mostraron marcadas diferencias cariotípicas entre las distintas especies, aportando evidencias para interpretar su posible evolución cromosómica. Como característica genética interesante de *Alouatta* se destaca la presencia de sistemas sexuales múltiples que se originan por translocaciones Y-autosoma. En machos constituyen sistemas de tipo  $X_1X_2Y$ ;  $X_1X_2Y_1Y_2$  e  $X_1X_2X_3Y_1Y_2$ . En esta oportunidad se realizó un análisis cladístico a fin de dilucidar el origen de estos sistemas en el género. Considerando que para obtener una mejor congruencia taxonómica debería ser empleada una amplia batería de datos, incluyendo variables genéticas, morfológicas y ecológicas (“Evidencia total”), se trabajaron conjuntamente ambas variables (moleculares y cromosómicas) en una sola matriz. El análisis de parsimonia permitió resolver las relaciones filogenéticas entre las especies de aulladores, demostrando la utilidad del enfoque combinado. Se observó que los autosomas que intervienen en los sistemas sexuales múltiples en las especies mesoamericanas y en las sudamericanas son diferentes, permitiendo sugerir un origen independiente y proponer una hipótesis para el origen de estos sistemas de multivalentes.

CA 9

### CROMOSOMAS SEXUALES EN MELANOPLINOS NEOTROPICALES; DIVERGENCIA Y EVOLUCIÓN

Palacios-Gimenez OM<sup>1,3</sup>, ER Castillo<sup>2,3</sup>, DC Cabral-de-Mello<sup>1,3</sup>, DA Marti<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biología, UNESP-Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências/IB. CEP 13506-900 Rio Claro, São Paulo, Brasil., <sup>2</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical (IBS), FCEyN, UNaM\_CONICET, Félix de Azara 1552, 3300 Posadas, Argentina. <sup>3</sup>Parcialmente financiado por FAPESP, CAPES, CNPq, PIP-CONICET.

e-mail: darmarti@yahoo.com.ar

En los melanoplinos neotropicales existe una marcada heterogeneidad de especies con neosistemas cromosómicos de determinación del sexo (nSCDS), cuando estos sistemas se establecen, ocurre una remodelación en las secuencias de ADN de los cromosomas involucrados, con modificaciones en la estructura de la cromatina e inserción de secuencias repetitivas; esta reestructuración se apoya en la abolición de la recombinación y antecede a la degeneración genética, con destino incierto para el neo-Y. Analizamos con técnicas convencionales, diferenciales y FISH (18S rRNA, U1 snRNA y DNA-tel), representantes de *Chlorus*, *Eurotettix* y *Dichromatos*. Los resultados indican que en *C. vittatus* el 18S se localizó en regiones pericentroméricas (RPC) de los pares 3 y 6; en *E. brevicerci* y *E. minor*, este cluster fue localizado en la RPC del 3 y en el X de *E. brevicerci*. Asimismo, en las dos especies de *Dichromatos*, observamos tres clusters, en un par de autosomas y en la RPC del  $X_1$ . Mientras que los clusters U1 en *C. vittatus*, *E. brevicerci* y *E. minor* se localizaron en la región distal del 4, sumado a que en *E. minor* también mostro señal en el neo-XR y neo-Y. En *D. lilloanus* en la región intersticial del 2 y en *D. schrottkyi* en la región distal del 3. En base a esta evidencia, discutimos el origen de los nSCDS en *Dichromatos* y que el mapeo de secuencias específicas en los neo cromosomas sexuales, indicarían la aparición de nuevas funciones, donde la completa degeneración o pérdida de los mismos y la reversión al estado X0 por erosión del proto-Y, se vería abolida al albergar dichos genes.

CA 10

### LOCALIZACIÓN DE LOS CROMOSOMAS SEXUALES DE *Anastrepha fraterculus* (Wied.) EN TEJIDOS POLITÉNICOS

Giardini MC<sup>1</sup>, F Milla<sup>1</sup>, CA Conte<sup>1</sup>, JL Cladera<sup>1</sup>, S Lanzavecchia<sup>1</sup>, M Nieves<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Insectos de Importancia Económica, Instituto de Genética “Ewald A. Favret”, INTA, Castelar, <sup>2</sup>Grupo de Investigación en Biología Evolutiva. Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (UBA).

e-mail: cegiardini@yahoo.com

El estudio de los cromosomas politénicos representa una importante pieza en el análisis de la organización genética del genoma. Han sido utilizados en estudios de filogenia y su descripción ha contribuido



significativamente em projectos de mapeo genómico. El número de cromosomas politénicos corresponde a la mitad del número de cromosomas de una metafase mitótica, debido al íntimo apareamiento existente entre cromosomas homólogos. Tanto en *Anastrepha fraterculus* como en otras moscas tefritidas con un  $2n=10+XX/XY$ , se observaron cinco cromosomas politénicos bandeados, que se corresponden a los autosomas, indicando que los cromosomas sexuales no politenizarían. Esta conclusión se obtuvo en forma indirecta, por observación simultánea de preparaciones de glándulas salivales (cromosomas politénicos) y ganglio cerebral (cromosomas mitóticos). Nuestro objetivo entonces fue identificar y localizar en forma directa los cromosomas sexuales de *A. fraterculus* en preparaciones de glándulas salivales mediante Hibridación *in situ* Fluorescente (FISH), utilizando una sonda de la secuencia del gen 18S de *A. fraterculus*, marcada con biotina. Previamente en tejidos mitóticos, el FISH mostró que esta sonda hibrida únicamente en los cromosomas sexuales. En glándulas salivales se obtuvo una señal positiva en una región de cromatina descondensada, que se correspondería con los cromosomas sexuales sin politenizar y de naturaleza mayormente heterocromática. Este resultado confirmaría los hallazgos previos al mismo tiempo que permitió identificar y localizar los cromosomas de interés.

CA 11

### DENTIÇÃO ANÔMALA DE LAMBARIS, SERIA *Astyanax*?

Coutinho-Sanches N, NM Travenzoli, JA Dergam. Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Biologia Animal.  
e-mail: naty.csanches@gmail.com

A família Characidae é um grupo não monofilético, que agrupa pelo menos 1.200 espécies. Nos caracídeos neotropicais, o dentário pode apresentar uma segunda fileira de dentes, como o par de dentes sinfisiais de *Brycon* e *Triportheus*, ou a série interna de dentes cônicos pequenos de *Salminus*. Os lambaris do gênero *Astyanax* caracterizam-se pela presença de apenas uma fileira de dentes no dentário. Dois espécimes semelhantes a *Astyanax*, coletados na bacia do rio Santo Antonio, Minas Gerais, Brasil, apresentaram uma segunda fileira de três dentes no dentário, um bicuspidado e dois tricuspídeos. Este estudo objetiva relatar o cariótipo destes espécimes. Os espécimes foram submetidos às técnicas de obtenção direta de cromossomos mitóticos metafásicos em tecido renal. A detecção das regiões organizadoras

de nucléolos foi obtida pela impregnação com nitrato de prata. Apresentaram  $2n=50$  cromossomos, fórmula cariotípica  $4m+8sm+14st+24t$  e  $NF=62$ . As NORs apareceram em oito cromossomos: na região terminal dos braços menores de um par de cromossomos telocêntricos e submetacêntricos e dos braços longos de um cromossomo submetlocêntrico e um par de telocêntricos. Das 21 espécies de *Astyanax* já estudadas citogeneticamente, 16 apresentaram  $2n=50$ , uma  $2n=48$ , uma  $2n=36$ , duas apresentaram variação de  $2n=46/48/50$  e uma  $2n=48/50$ . Assim, o número diplóide dos espécimes é condizente com o esperado para *Astyanax*. Dados moleculares da citocromo oxidase I (COI) e outras análises citogenéticas ajudarão a definir a posição filogenética desses lambaris.

CA 12

### DESCRIÇÃO CITOGENÉTICA DE *Brycon aff. devillei* (TELEOSTEI: CHARACIDAE) DA BACIA DO DOCE, MINAS GERAIS, BRASIL

Travenzoli NM, PC Silva, APA Silva, JA Dergam. Universidade Federal de Viçosa.

e-mail: natytravenzoli@hotmail.com

O gênero *Brycon*, pertencente à subfamília Bryconinae, é composto por pelo menos 40 espécies de ampla distribuição na América do Sul. Hoje, *B. devillei* está na lista de espécies ameaçadas de extinção, devido em grande parte à destruição das florestas associadas aos rios. Ainda não existem dados biológicos sobre esta espécie ainda não descrita. O objetivo deste estudo foi caracterizar o cariótipo da espécie, incluindo seu número diplóide, fórmula cariotípica, número de braços cromossômicos, posicionamento de Ag-NORs, padrão de banda-C e FISH com sondas de rDNA 5S e 18S. As análises foram realizadas em cinco espécimes (três machos e duas fêmeas) que foram submetidos às técnicas de obtenção de cromossomos mitóticos. *Brycon aff. devillei* apresentou um número diplóide  $2n=50$ , fórmula cariotípica  $(11m+10sm+4st)$  e número fundamental  $(FN=100)$ . As NORs e o sítio 18S rDNA marcaram a região terminal do braço longo de um par de submetacêntricos. Um bloco heterocromático pericentromérico no braço longo foi observado em cromossomos metacêntricos, submetacêntricos e submetlocêntricos. A região de rDNA 5S foi identificada no braço menor de um par de metacêntricos. Todos os padrões obtidos foram semelhantes aos de outras



espécies de *Brycon*. Conclui-se que o grupo os Bryconinae apresentam estabilidade cariotípica com características plesiomórficas independentes da distribuição biogeográfica das espécies.

#### CA 13

### CARACTERIZACIÓN CITOGÉNÉTICA DE DOS ESPECIES DE *Belostoma* (HEMIPTERA: HETEROPTERA: BELOSTOMATIDAE)

Chirino MG, MJ Bressa. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires; Departamento de Ecología, Genética y Evolución; FCEyN-UBA.  
e-mail: mchirino@ege.fcen.uba.ar

Las especies de *Belostoma* presentan cromosomas holocinéticos y una primera división meiótica reduccional para los autosomas y ecuacional para los cromosomas sexuales. Los antecedentes citogenéticos en Belostomatidae permiten proponer un cariotipo atávico masculino  $2n=26+XY$  del cual derivaron los cariotipos  $2n=26+X_1X_2Y$  por fragmentación del X ancestral. Se analizó el contenido y distribución de la heterocromatina constitutiva y la localización de los genes ribosomales en *B. elongatum* y *B. gestroi* ( $2n=26+X_1X_2Y/X_1X_1X_2X_2$ , ♂/♀), mediante bandas C, bandas fluorescentes e hibridación *in situ* fluorescente (ADNr 18S). En *B. elongatum* todos los bivalentes autosómicos (II) presentan bandas C+ conspicuas en regiones terminales e intersticiales, mientras que en *B. gestroi* 12 II poseen pequeñas bandas C+ terminales, siendo un II menor eucromático en metafase I. En ambas especies los Xs tienen bandas C+ terminales. *B. elongatum* y *B. gestroi* presentan una banda DAPI-/CMA+ terminal en un II mediano y mayor, respectivamente. Las señales de hibridación revelaron una región organizadora nucleolar (NOR) en las regiones terminales de un II mediano en *B. elongatum* y de uno mayor en *B. gestroi*. Concluimos que: 1) las bandas terminales C+ representan secuencias de ADN ricas en AT y GC, 2) el NOR colocaliza con una banda terminal C+ y DAPI-/CMA+, siendo la unidad ribosómica de repetición rica en GC, y 3) el número y localización de los genes ribosomales estaría correlacionado con la presencia de bandas C+ y DAPI-/CMA+ y con el sistema de cromosomas sexuales XY y  $X_1X_2Y$  descritos en este género.

#### CA 14

### LA PRODUCCIÓN DE HUEVOS EN MOSCAS DE LA FRUTA: DESARROLLO OVÁRICO Y

### EVOLUCIÓN DEL LINAJE GERMINAL

Gross A, I Falcone, F Casale, AL Basso. Cátedra de Genética, Facultad de Agronomía, UBA.  
e-mail: abasso@agro.uba.ar

En las moscas de la fruta *Anastrepha fraterculus* y *Ceratits capitata* no existen estudios sobre la estructuración del ovario ni la diferenciación celular durante la ovogénesis. Los conocimientos genéticos y fisiológicos son la base para planificar estrategias correctas de control poblacional. Los estudios sobre comportamiento de ovipuesta y medición de madurez sexual de las hembras adultas están basados en el recuento de huevos. Las diferencias en el comportamiento de ovipuesta entre diferentes especies son atribuidas a diferencias en el tipo de ovogénesis. Previamente encontramos gran variabilidad genética y fisiológica de una colonia de laboratorio, indicando que cada ciclo requiere un estudio especial. El objetivo del presente trabajo es dilucidar el momento de inicio y desarrollo de la línea germinal del ovario-que dará origen al huevo- y el progreso de la ovogénesis en estadios post-embriónicos. Se trabajó con una línea de referencia y una mutante de cada especie, mantenidas en nuestro laboratorio. Se fijaron pupas y ovarios larvales y pupales. Se marcó el linaje germinal con anticuerpo Anti-vasa (VASA proteína citoplasmática germinal de *Drosophila*) revelado con Cy2. Larva II mostró PGCs mitóticas en corte histológico. En ovario de larva III, se ve un anillo de cistoblastos los cuales en transición larva-pupa ya comienzan a producir folículos. En el adulto farado cada ovariola tiene una cadena de folículos en sucesivos estadios de desarrollo del oocito. Entre genotipos dentro de especie, insectos de igual edad cronológica presentaron diferentes edades fisiológicas.

#### CA 15

### RELEVAMIENTO CITOGÉNÉTICO PRELIMINAR DE LA FAUNA ICTIOLÓGICA PRESENTE EN DOS AFLUENTES DEL ALTO RIO URUGUAY

Swarça AC<sup>1</sup>, AR Santos<sup>1</sup>, VF Freitas<sup>1</sup>, NB Venturelli<sup>1</sup>, AA Paula<sup>1</sup>, AL Dias<sup>1</sup>, L Giuliano-Caetano<sup>1</sup>, AS Fenocchio<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Universidade Estadual de Londrina, <sup>2</sup>Universidad Nacional de Misiones.  
e-mail: swarça@uel.br

El río Uruguay forma la frontera entre Argentina y Brasil y, más al sur, entre Argentina y Uruguay. Es un sistema poco explorado en estudios taxonómicos y biológicos, siendo muchas de las especies



de peces endémicas o restringidas a la región. Revisiones bibliográficas relacionadas con estudios de cromosomas en peces pertenecientes a esta cuenca muestran una ausencia casi total de datos cariotípicos. Este trabajo tuvo como objetivo realizar un estudio citogenético en ejemplares colectados en dos afluentes del alto río Uruguay (Arroyo Chimiray y Arroyo Paraíso) ubicados en la provincia de Misiones/Argentina, la elección de estas localidades se debe a la facilidad de acceso, estando muy cercano al río Uruguay, frontera con el estado de Rio Grande do Sul/Brasil. Fueron realizadas coletas en los períodos de marzo de 2008 a marzo de 2012, siendo capturadas y analizadas citogenéticamente 12 especies *Astyanax bimaculatus* (= *jacuiensis*), *Astyanax ojiara*, *Astyanax* sp1, *Astyanax* sp2, *Cichlasoma dimerus*, *Gymnogeophagus balzanii*, *Gymnogeophagus* sp, *Australoherus forquilha*, *Apareiodon affinis*, *Corydoras paleatus*, *Ancystrus* sp y *Rhamdia quelen*. Las cuatro especies de *Astyanax* y *Ancystrus* sp presentaron  $2n=50$  cromosomas, *C. dimerus*, *G. balzanii*, *G. sp*, *A. forquilha*  $2n=48$ , *A. affinis*  $2n=54$ , *C. paleatus*  $2n=44$  y *R. quelen*  $2n=58$ . Nuevos muestreos se realizarán con el objetivo de ampliar el relevamiento iniciado y comparar con los datos disponibles en la literatura para las mismas especies de otras Cuencas Hidrográficas.

#### CA 16

### CONTRIBUCIÓN AL CONOCIMIENTO CITOGENÉTICO DE *Loricaria simillima* (LORICARIIDAE-PISCES)

Benitez MF<sup>1,2</sup>, UO Pioli<sup>1</sup>, F Takagui<sup>3</sup>, L Giuliano<sup>3</sup>, MC Pastori<sup>1</sup>, GG Garrido<sup>2</sup>, AS Fenocchio<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética General, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, <sup>2</sup>Proyecto Biología Pesquera Regional, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, <sup>3</sup>Laboratorio de Citogenética Animal, Universidade Estadual de Londrina.  
e-mail: mauriciofbenitez@gmail.com

*Loricaria simillima* (Regan, 1904) pertenece al Orden Siluriformes, familia Loricariidae, subfamilia Loricariinae. Los estudios fueron realizados en especímenes colectados en el río Paraná, en el área de influencia de la represa Yacyretá (Ituzaingó-Argentina). Aunque se ha caracterizado citogenéticamente a algunos representantes del género *Loricaria*, en el área, esta especie aún no había sido estudiada y en la literatura consultada tampoco se encontró información sobre sus características citogenéticas. Los resultados obtenidos sugieren que presenta un complemento

cromosómico  $2n=64$  y un  $NF=88$ . La fórmula cariotípica establecida fue:  $10m+10sm+42\ st/a$ . Con la técnica de tinción argéntica se detectó la presencia de un solo par portador de NORs. Las bandas se ubican en posición pericentromérica en el par 8 (sm). El bandedo C reveló regiones heterocromáticas generalmente pericentroméricas a excepción de un cromosoma acrocéntrico con una conspicua banda intersticial. Tinciones fluorescentes con DAPI y  $CMA_3$  mostraron la presencia de regiones ricas en C-G en el par portador de NORs también cercanas a la región centromérica de estos cromosomas. Este trabajo representa una contribución al conocimiento citogenético de *L. simillima* siendo los primeros datos cariotípicos reportados para esta especie.

#### CA 17

### CROMOSOMAS HOLOCÉNTRICOS EN CHRYSOPIDAE? (NEUROPTERA: INSECTA)

Andrada AR, VA Páez, ME Lozzia, E González Olazo. Fundación Miguel Lillo.  
e-mail: rubenfml@yahoo.com.ar

Neuroptera cuenta con más de 1.570 especies agrupadas en 16 familias, que se distribuyen en todos los continentes excepto en el Antártico. Chrysopidae es una familia utilizada como control biológico de plagas agrícolas, debido a que poseen larvas predadoras generalistas, de insectos pequeños y huevos. En neuropteros se observaron diferentes sistemas sexuales basados en el complejo XY. Chrysopidae exhibe un sistema simple de determinación sexual XY y su número básico es  $2n=12$ ; los cromosomas pueden tener forma de letra "V", ser rectos o levemente curvados. En este trabajo se efectuaron estudios meióticos en machos de *Chrysoperla asoralis* y *Chrysoperlan externa*. Los insectos fueron recolectados en las provincias de La Rioja y Tucumán (Argentina) y conservados en alcohol 96° a temperatura ambiente; las preparaciones citológicas se ejecutaron siguiendo técnicas convencionales. Ambas especies poseen un sistema simple de cromosomas sexuales XY ( $5A + XY$ ), segregación a distancia del par sexual y cromosomas sexuales que segregan reduccionalmente durante la Anafase I (AI). Los autosomas en *C. asoralis* se ubican en el ecuador perpendiculares al huso y adquieren configuración cuatripartita característica de los cromosomas holocinéticos u holocéntricos, por lo que su segregación sería ecuacional; en contraste, los autosomas de *C. externa* se comportan de forma normal y segregan reduccionalmente.





Estas son las primeras investigaciones citológicas en *C. asoralis* y es la primera vez que se observa este tipo de comportamiento “holocinético” en el orden Neuroptera.

CA 18

### SISTEMA CROMOSSÔMICO MÚLTIPLO COM HETEROGAMETIA FEMENINA NO GÊNERO *Eigenmannia* (TELEOSTEI: STERNOPYGIDAE)

Araya-Jaime C, J Pansonato-Alves, R Utsonomia, C Oliveira, F Foresti. Laboratorio de Biología e Genética de Peixes. IBB-Unesp. Botucatu.  
e-mail: carayaj\_uls@yahoo.es

O gênero *Eigenmannia* (Gymnotiformes: Sternopygidae) constitue um grupo endêmico de peixes da região Neotropical. Os estudos citogenéticos neste gênero evidenciam uma macroestrutura cariotípica variável e ocorrência de sistemas de cromossomos sexuais. Em *E. virescens*, são observados citótipos com 28 até 40 cromossomos, além de citótipos com cromossomos sexuais e citótipos sem eles. O presente trabalho descreve e compara a estrutura cariotípica de uma população de *E. trilineata*, do rio Miranda, estado de Mato Grosso do Sul, Brasil. As análises envolveram o uso de técnicas citogenéticas clássicas e molecular (FISH de DNAr 5S e 18S). Os resultados evidenciaram um número diplóide de cromossomos diferentes para fêmeas e machos. As fêmeas apresentaram um cariótipo com 31 cromossomos, enquanto os machos tem 32 cromossomos. A heterocromatina constitutiva foi observada nas regiões pericentroméricas da maioria dos cromossomos, como também no braço curto do par portador das RONS. As sequências de DNAr 5S foram localizadas nas regiões centroméricas de 5 pares acrocêntricos, enquanto que o *cluster* ribossomal 18S foi detectado no braço curto do par 11. As diferenças no número diplóide entre machos e fêmeas sugerem a ocorrência de um sistema múltiplo de cromossomos sexuais ( $ZZ/ZW_1W_2$ ). Este resultado indica que intensivos eventos de reorganização cromossômica, como ocorrido em populações de *E. virescens*, também ocorrem em representantes de *E. trilineata* e fornecem novos subsídios para o entendimento do processo de diferenciação cromossômica neste grupo de peixes Neotropicais.

CA 19

### LOCALIZAÇÃO DE SÍTIOS DE DNAR

### 18S EM ESPÉCIES DE *Cyclocephala* (COLEOPTERA) USANDO $AgNO_3$ E FISH

Ferreira-Neto CA, AS Melo, MF Rocha, RC Moura. Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, Brasil.  
e-mail: celso\_alex\_ferreira@hotmail.com

Os besouros do gênero *Cyclocephala* (Scarabaeidae) apesar de possuir importância ecológica e econômica, devido a sua atividade decompositora e como pragas ocasionais, respectivamente, são pouco estudados geneticamente. Este estudo teve como objetivos localizar RONS e sítios do gene de DNAr 18S nas espécies *Cyclocephala cearae*, *C. distincta*, *C. latericia* e *C. paraguayensis*. Foram utilizadas a impregnação por nitrato de prata e a hibridização *in situ* fluorescente (FISH) com sonda de DNAr 18S. As espécies *Cyclocephala distincta* e *C. latericia* tiveram seus cariótipos descritos pela primeira vez, os quais corresponderam a  $2n=20$ , Xyp, enquanto que *C. cearae* e *C. paraguayensis* apresentaram  $2n=18$ , Xyp, como verificado em trabalhos anteriores. Todas as espécies apresentaram uma RON localizada no bivalente sexual. A FISH permitiu observar a localização de *cistrons* ribossomais 18S no bivalente sexual de todas as espécies.

CA 20

### VARIABILIDAD DE LA REGIÓN ORGANIZADORA NUCLEOLAR EN TRIATOMÍNEOS (HEMIPTERA, REDUVIIDAE)

Azeredo-Oliveira MTV, PP Mendonça, VB Bardella, A Morielle-Souza, GDC Severi-Aguiar, NP Pereira, KCC Alevi. Departamento de Biología, Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas (IBILCE-UNESP), São José do Rio Preto, SP, Brasil.  
e-mail: tercilia@ibilce.unesp.br

El número y la localización de las Regiones Organizadoras Nucleolares (RONS) auxilia en el estudio evolutivo de los organismos. En el presente estudio fueron analizadas veinte especies de triatomíneos, de los tres principales géneros (*Triatoma*, *Panstrongylus* y *Rhodnius*), con énfasis al estudio de las RONS. En las células de los túbulos seminíferos fueron aplicadas las técnicas de impregnación por iones plata e hibridización *in situ* (FISH). Cinco especies del género *Triatoma* y una del *Rhodnius* presentaron marcaciones AgNORs en dos o más autosomas. Tres especies del género *Triatoma*, una del *Panstrongylus* y dos del *Rhodnius* presentaron AgNORs positivas en algunos



autosomas y cromosomas sexuales. Tres especies del género *Rhodnius* y una del *Panstrongylus* presentaron marcaciones por los iones argénticos solamente en cromosomas sexuales. Utilizando sondas 45S, dos especies presentaron marcaciones en solamente un autosoma (*T. tibiamaculata* y *T. protracta*), dos presentaron marcaciones y dos o más autosomas (*T. brasiliensis* y *T. rubrovaria*), una especie presentó marcación en los heterocromosomas (*T. matogrosensis*) y tres presentaron marcación solamente en el cromosoma sexual X (*T. melanosoma* y *T. platenses* y *T. vitticeps*). Ya con la sonda 28S en *P. megistus*, algunos autosomas y los sexuales hibridaron. En *R. pallescens* solamente los heterocromosomas hibridaron. Las RONs representan un factor activo en la evolución de las especies. Estos datos son relevantes en el entendimiento de la biología y evolución de estos importantes vectores de la enfermedad de Chagas.

CA 21

### CARACTERIZACIÓN DE LOS EUESPERMATOZOIDEOS TRANSFERIDOS POR MACHOS IRRADIADOS DE *Tuta absoluta* (LEPIDOPTERA)

Lauría JP<sup>1</sup>, L Carabajal Paladino<sup>1</sup>, C Cagnotti<sup>2</sup>, I Muntaabski<sup>1</sup>, JL Cladera<sup>1</sup>, S López<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética (IGEAF), INTA Castelar, pcia. de Buenos Aires, <sup>2</sup>Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), INTA Castelar, pcia. de Buenos Aires.

e-mail: jplauria@hotmail.com

*Tuta absoluta* es un insecto plaga del tomate que genera importantes pérdidas económicas. Esta polilla es nativa de Sudamérica, pero invadió Europa y África, aumentando la escala de su impacto e interés. El presente trabajo busca aportar información para la utilización en esta especie de la Técnica del Insecto Estéril (TIE), en la cual se liberan a campo individuos irradiados con una dosis que genera hembras completamente estériles y machos parcialmente estériles que producen una progenie estéril. Los lepidópteros fabrican dos tipos de espermatozoides dispuestos en paquetes: paraespermatozoides apirenos y euespermatozoides, estos últimos son los responsables de la fertilización de los huevos. Según estudios previos en testículos de *T. absoluta*, la radiación genera paquetes de euespermatozoides de morfología deforme. Para analizar qué ocurre con los euespermatozoides de machos irradiados, luego de ser transferidos a la hembra durante la cópula, se irradiaron machos en estado pupal con dosis de 0,

15625, 20832 y 26040 Roentgen de rayos X. Luego de la emergencia se formaron parejas con hembras vírgenes sin irradiar. Se realizaron preparados a partir de las espermatecas (órgano femenino de almacenamiento de esperma) mediante la técnica de dispersión en plancha caliente, se tiñeron con el fluorocromo DAPI y se observaron bajo microscopio de epifluorescencia. Con el aumento de las dosis empleadas, se detectó un incremento en la proporción de euespermatozoides con núcleos de morfología deforme y una disminución en la proporción de las morfologías normales.

CA 22

### ANÁLISE CITOGENÉTICA DE TRÊS ESPÉCIES DE ARANHAS ENTELEGINAS (CORINNIDAE, GNAPHOSIDAE, SPARASSIDAE)

Gimenez-Pinheiro T<sup>1</sup>, DM Cella<sup>1</sup>, LS Carvalho<sup>2</sup>, AD Brescovit<sup>3</sup>, MC Schneider<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto de Biociências, Departamento de Biologia, Rio Claro, SP, Brasil, <sup>2</sup>Universidade Federal do Piauí (UFPI), Campus Amílcar Ferreira Sobral, Floriano, PI, Brasil, <sup>3</sup>Instituto Butantan, Laboratório de Artrópodes, São Paulo, SP, Brasil, <sup>4</sup>Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), Departamento de Ciências Biológicas, Diadema, SP, Brasil.

e-mail: pinheirogimenez@gmail.com

A ordem Araneae é um dos mais diversos grupos de animais da Terra; porém, menos de 2% dos representantes foram caracterizados citogeneticamente. A grande maioria das espécies de aranhas está agrupada no clado Entelegynae, que possui 75 famílias e 35.735 espécies. O objetivo deste trabalho é caracterizar *Creugas* sp. (Corinnidae), *Vectius niger* (Gnaphosidae) e *Macrinus pollexensis* (Sparassidae) quanto ao número cromossômico, sistema cromossômico sexual (SCS) e região organizadora de nucléolo (RON). Vale a pena ressaltar que este é o primeiro registro citogenético para espécies destes três gêneros. As preparações cromossômicas foram obtidas a partir de testículos de indivíduos adultos, submetidas à coloração com Giemsa e impregnação pelo íon prata. A análise de células meióticas mostrou 13II+X<sub>1</sub>X<sub>2</sub>0 (2n=28) em *Creugas* sp., 10II+X<sub>1</sub>X<sub>2</sub>0 (2n=22) em *V. niger* e 19II+X<sub>1</sub>X<sub>2</sub>0 (2n=40) em *M. pollexensis*. Espermatócitos impregnados pelo íon prata revelaram que em *Creugas* sp. a RON está localizada na região terminal de um bivalente autossômico pequeno, enquanto que em *M. pollexensis* a RON ocorre sobre a região terminal de dois bivalentes. O SCS X<sub>1</sub>X<sub>2</sub>0 observado nas espécies aqui examinadas



já havia sido registrado para outros representantes de Corinnidae, Gnaphosidae e Sparassidae; porém, o número diploide verificado em *Creugas* sp. é o maior já descrito para a família Corinnidae. O padrão de distribuição da RON obtido em *Creugas* sp. é inédito para a família, mas 4 RONs autossômicas, como detectado em *M. pollexensis*, já foram registradas em três espécies de Sparassidae. FAPESP 2011/19873-9

CA 23

### HOLOCENTRIC CHROMOSOMES AND MULTIVALENT ASSOCIATIONS IN *Tityus pusillus* (SCORPIONES, BUTHIDAE)

Mattos VF<sup>1</sup>, DM Cella<sup>1</sup>, DM Candido<sup>2</sup>, LS Carvalho<sup>3</sup>, MC Schneider<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Universidade Estadual Paulista (UNESP), Departamento de Biologia, Rio Claro, São Paulo, Brazil. <sup>2</sup>Instituto Butantan, Laboratório de Artrópodes, São Paulo, São Paulo, Brazil. <sup>3</sup>Universidade Federal do Piauí (UFPI), Campus Amilcar Ferreira Sobral, Floriano, Piauí, Brazil. <sup>4</sup>Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), Departamento de Ciências Biológicas, Diadema, São Paulo, Brazil.  
e-mail: vivianefagundesmn@hotmail.com

*Tityus pusillus* is a buthid scorpion endemic to northeastern region of Brazil. The aim of this work is to characterize the mitotic and meiotic chromosomes of *T. pusillus*, using standard and differential techniques. Chromosome preparations were obtained from gonads of adults specimens (13♂ and 1♀) from Serra da Ibiapaba, Ceará, Brazil, standard-stained with Giemsa, silver-impregnated, C-banded, and submitted to DAPI/CMA<sub>3</sub> fluorochrome staining. The chromosomes of *T. pusillus* were holocentric and gradually decrease in size. The meiosis was synaptic and achiasmatic. Metaphase cells showed 2n=20 in 12♂ and 1♀, and 2n=19 in 1♂. The study of postpachytene nuclei from males revealed an additional intraspecific variability, considering that three different chromosomal constitutions were observed: 10 bivalents with chromosomes in parallel disposition (7♂), seven bivalents plus one chromosome chain (C) of five elements (7II+CV) (1♂), and seven bivalents plus one chain of six elements (7II+CVI) (5♂). However, metaphase II cells of all male individuals presented n=10 and/or n=9, indicating the regular chromosome segregation during anaphase I. Silver-impregnated mitotic metaphase cells revealed NORs on the terminal region of two chromosomes. C-banded nuclei exhibited small blocks of constitutive heterochromatin, which are probably AT-rich, in the terminal region of one chromosome pair. The mitotic and meiotic chromosomal variability observed in *T.*

*pusillus* could be originated by rearrangements of the fission/fusion type. Support: FAPESP 2010/14226-2, CNPq 468630/2010-7; 558317/2009-0

CA 24

### CROMOSOMAS Y MEIOSIS EN *Cycloneda sanguinea* Y *Harmonia axyridis* (COLEOPTERA: COCCINELLIDAE)

Ruiz de Bigliardo GE<sup>1</sup>, MS Caro<sup>2</sup>, M Dode<sup>1</sup>, M Romero Sueldo<sup>1</sup>, MM Moreno Ruiz Holgado<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Fundación Miguel Lillo, <sup>2</sup>Fac. Cs. Naturales UNT.  
e-mail: grabigliardo@hotmail.com

Los Coleópteros representan un grupo diverso de organismos en diferentes ecosistemas, pero con escaso conocimiento citogenético. El objetivo de estos estudios es conocer las características estructurales y comportamiento de los cromosomas en la meiosis de *Cycloneda sanguinea* L. y *Harmonia axyridis* P. Estas especies son depredadoras y principal factor de control natural de pulgones. Los ejemplares han sido colectados en *Sorghum halepense* (L.) vegetación circundante al cultivo de maíz, en El Manantial Dpto. Lules, Tucumán. Las preparaciones citológicas se obtuvieron por técnicas convencionales. *C. sanguinea* exhibió un cariotipo 2n=20 y *H. axyridis* 2n=16, ambas especies con un sistema de determinación del sexo Xyp asociados en configuración en "paracaídas". El análisis de las células meióticas de *C. sanguinea* mostró: a) un gran cromocentro heteropicnótico en leptonema, b) la fórmula meiótica n=9+Xyp (♂) en diacinesis y metafase I, c) asociaciones autosómicas en metafase I, d) cromosomas rezagados en anafase I. En *H. axyridis* las células en división analizadas reveló: a) una temprana y característica asociación de los cromosomas sexuales en Profase I (leptonema, cigonema), lo cual no concuerda con el esquema citogenético descrito, b) un gran cromocentro en leptonema, c) la fórmula meiótica n=7+Xyp (♂), d) cromosomas autosómicos asociados en diacinesis y metafase I, e) segregación regular en anafase I. En los Coccinellidae el cariotipo haploide más frecuente y probablemente el ancestral es n=9+Xyp (♂). *C. sanguinea* se correlaciona con los antecedentes, pero no *H. axyridis*.

CA 25

### NATUREZA DAS SEQUÊNCIAS REPETITIVAS REVELADA POR CMA<sub>3</sub>, DAPI, E FISH EM 14 ESPÉCIES DE *Hypsiboas*



Gruber SL<sup>1</sup>, CFB Haddad<sup>2</sup>, S Kasahara<sup>1</sup>. <sup>1</sup>UNESP, Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, Departamento de Biologia, <sup>2</sup>UNESP, Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, Departamento de Zoologia.  
e-mail: sisilgg@hotmail.com

As espécies de *Hypsiboas* ocorrem na América Central e do Sul e análises em 20 das 84 espécies descritas revelaram majoritariamente  $2n=24$   $NF=48$ . O objetivo foi o de caracterizar regiões repetitivas de *H. albopunctatus*, *H. albomarginatus*, *H. caingua*, *H. faber*, *H. pardalis*, *H. polytaenius*, *H. prasinus*, *H. raniceps* e *H. semilineatus*, assim como de *Hypsiboas* aff. *polytaenius*, *H. beckeri*, *H. caipora*, *H. latistriatus* e *H. lundii*, nunca antes cariotipadas. Excetuando *H. albopunctatus* com  $2n=22$ , a maioria das espécies, tem  $2n=24$ . A RON está no par 11 em nove delas, mas nem sempre na mesma posição, nos pares 3, 4, 7 e 8 em *H. albomarginatus*, *H. polytaenius*, *H. semilineatus* e *H. albopunctatus*, respectivamente, enquanto em *H. caingua* em apenas um 6 e um 7. Todas as espécies têm RON brilhantes com CMA3 e no caso de *H. lundii*, *H. caingua*, *H. caipora* e *H. polytaenius* também as regiões centroméricas, enquanto estas em *H. faber*, *H. caipora* e *H. semilineatus* e o sítio adjacente à RON de *H. raniceps* são DAPI brilhantes. A sonda telomérica hibridou nos telômeros e também nas regiões pericentroméricas ou centroméricas, respectivamente, de *H. semilineatus* e *H. faber*. Excetuando *H. albopunctatus*, os cariótipos  $2n=24$  de *Hypsiboas* são muito similares, mas é inequívoca a variabilidade quanto à posição da RON e à natureza das regiões repetitivas que podem ser GC ou AT-ricas ou mesmo incluir sequências semelhantes às teloméricas, diferenciando as espécies também cariologicamente. Os dados obtidos reforçam a importância de utilizar várias técnicas para a caracterização dos cariótipos. FAPESP, CNPq

CA 26

### REEVALUACIÓN CITOGÉNÉTICA DEL POLIMORFISMO CARIOTÍPICO DE *Apareiodon affinis* (CHARACIFORMES, PISCES)

Pioli UO<sup>1</sup>, MF Benitez<sup>1</sup>, A Alves de Paula<sup>2</sup>, HA Roncati<sup>1</sup>, AL Dias<sup>2</sup>, MC Pastori<sup>1</sup>, AS Fenocchio<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética General, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, <sup>2</sup>Laboratorio de Citogenética Animal, Universidade Estadual de Londrina.  
e-mail: ulisespioli@gmail.com

El género *Apareiodon* comprende 15 especies, de las

cuales *A. affinis* posee un sistema de determinación sexual múltiple  $ZZ/ZW_1W_2$ , que ha sido citado para diversas cuencas del río Paraná en Brasil. Sin embargo, estudios realizados en poblaciones del Alto y Medio río Paraná (Argentina) no detectaron dicho sistema de determinación sexual, sino un alto polimorfismo cariotípico con una marcada variabilidad en el número de cromosomas acrocéntricos. Los resultados preliminares obtenidos en este trabajo, a partir de 22 individuos capturados en la ciudad de Posadas, mostraron que tanto hembras como machos poseen  $2n=54$  y  $NF$  que varía entre 103 y 106. El análisis cariotípico reveló una predominancia de cromosomas meta/submetacéntricos, con la presencia de un par metacéntrico significativamente grande y de 2 a 5 cromosomas acrocéntricos. Mediante el empleo de técnicas de coloración convencional y de bandeado cromosómico fue posible la identificación de 7 citotipos, basados principalmente en el número de cromosomas acrocéntricos y en el patrón de bandas NOR. La técnica de hibridación *in situ* por fluorescencia confirmó algunos de estos citotipos revelando además la ausencia de regiones NORs inactivas. Adicionalmente, sugirió la presencia de cromosomas supernumerarios en por lo menos 2 individuos. Este trabajo representa una nueva contribución al conocimiento citogenético de *A. affinis* y apoya la necesidad de realizar una reinterpretación taxonómica de la especie. Además, ofrece un nuevo marco para la descripción e interpretación de polimorfismos cromosómicos.

CA 27

### FIRST RECORD OF THE $X_1X_2Y$ SEX CHROMOSOME SYSTEM FOR *Kukulcania hibernalis* (ARANEAE, FILISTATIDAE)

Paula-Neto E<sup>1</sup>, MC Schneider<sup>2</sup>, V Penna-Gonçalves<sup>3</sup>, AD Brescovit<sup>3</sup>, DM Cella<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biologia, IB, UNESP, Rio Claro, SP, Brazil, <sup>2</sup>Departamento de Ciências Biológicas, UNIFESP, Diadema, SP, Brazil, <sup>3</sup>Laboratório de Artrópodes, Instituto Butantan, São Paulo, SP, Brazil.  
e-mail: emygdio@hotmial.com

In this work, the mitotic and meiotic chromosomes of *Kukulcania hibernalis* were studied, using standard staining and C-banding. Chromosomal preparations were obtained of gonads of juvenile and adult individuals (2♂ and 3♀), which were collected in Barra do Jacaré, Paraná, Brazil. The male and female karyotypes of *K. hibernalis* showed  $2n=22+X_1X_2Y$  and  $2n=22+X_1X_1X_2X_2$ , respectively, with biarmed





chromosomes. In relation to the size, the autosomes could be classified as large (pairs 1 and 2) and medium (pairs 3-11). The  $X_1$  and  $X_2$  sex chromosomes were medium-sized while the Y chromosome was a dot-like metacentric element. Additionally, secondary constrictions were visualized in the terminal region of three autosomal pairs. Diplotene spermatocytes exhibited the meioformula  $11II+X_1X_2Y$ . In this substage of prophase I, the autosomal bivalents presented only one terminal or interstitial chiasma; the sex chromosomes constituted a conspicuous trivalent, with all chromosomal arms terminally associated, but without evidence of chiasma. The metaphase II cells showed  $n=11+X_1X_2$  and  $n=11+Y$ , confirming the presence of the  $X_1X_2Y$  sex chromosome system (SCS) in males. C-banded mitotic and meiotic cells exhibited prominent blocks of constitutive heterochromatin in the terminal region of all chromosomes. Moreover, the pair 3 presented interstitial C-bands in the short arm, and the Y chromosome was entirely heterochromatic. The results obtained here revealed for the first time the occurrence of a multiple SCS, including an Y chromosome, for *K. hibernalis*. Support: FAPESP 2010/14193-7

CA 28

### ESTUDO CITOGENÉTICO POPULACIONAL DO CROMOSSOMO B DE *Dichotomius sericeus* (COLEOPTERA)

Amorim IC, RVS Soares, MF Rocha, RC Moura. Universidade de Pernambuco.  
e-mail: igor.amorim@gmail.com

No gênero *Dichotomius* (Scarabaeidae), o cromossomo B foi descrito em apenas uma das 18 espécies cariotipadas. Foram analisados 210 indivíduos de *Dichotomius sericeus*, de 3 populações de Pernambuco, Brasil, para avaliar a frequência, prevalência, distribuição e caracterização da heterocromatina constitutiva do cromossomo B. Foram realizadas preparações cromossômicas pela técnica de esmagamento de folículos testiculares. Foi usada orceína lacto-acética a 2% na coloração convencional. O bandeamento C e a tríplice coloração (CMA<sup>3</sup>/DA/DAPI) seguiram os protocolos, com modificações de Sumner (1972) e Schweizer (1983). Foram observados cariótipos  $2n=18, Xy_r+B$  e  $2n=18, Xy_r+2B$  em *D. sericeus*. O B ocorreu em 4 indivíduos de Igarassu (prevalência de 5,71%), 2 de Aldeia (2,85%), tendo um deles dois Bs, e em Caruaru não houve registro, sendo analisados

70 indivíduos em cada população. O bandeamento C revelou blocos de HC pericentrômicos, na maioria dos cromossomos, com exceção do quarto bivalente e do B. A análise da HC, pela tríplice coloração, revelou presença de blocos de CMA<sup>3+</sup> no segundo bivalente e no X. Os resultados diferem dos encontrados anteriormente para *D. sericeus*, por não ter marcado o par 4 com bandeamento C e apresentar bloco CMA<sup>3+</sup> no cromossomo X, evidenciando polimorfismo quanto a distribuição e riqueza da HC. Análises pela técnica C<sub>0</sub>t-1 DNA são necessárias para confirmar a ausência de DNA altamente e moderadamente repetitivo no cromossomo B, contribuindo para melhor caracterização deste, onde a aparente ausência de HC pode ser devida a limitação da técnica.

CA 29

### DINÁMICA DEL ADN REPETITIVO Y RELACIONES FILOGENÉTICAS DEL GRUPO *Ctenomys* SUR-ANDINO DE CHILE

Vargas RA<sup>1</sup>, EY Suárez-Villota<sup>1,2</sup>, RE Haro<sup>1</sup>, MH Gallardo<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Universidad Austral de Chile, <sup>2</sup>Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Universidad Austral de Chile.  
e-mail: rodrigo.vargas@postgrado.uach.cl

*Ctenomys* es un género de roedores sudamericanos con una alta variabilidad cariotípica, atribuida a la cantidad y composición de las secuencias repetitivas del genoma. Para explorar la dinámica de estas secuencias asociadas al proceso de especiación y su vinculación con los reordenamientos cromosómicos, se analizó la distribución de las secuencias repetitivas y las relaciones filogenéticas de *Ctenomys maulinus brunneus* ( $2n=26$ ; NF=48) y *C. sp.* ( $2n=28$ ; NF=50). Para ello se realizó auto-hibridación genómica *in situ* (Self-GISH) e hibridación genómica comparada (W-CGH). La reconstrucción filogenética se realizó mediante máxima verosimilitud y aproximaciones bayesianas con 661 pb de citocromo b, incluyendo secuencias de la otra especie del grupo sur-andino, *C. m. maulinus* ( $2n=26$ ; NF=48), y de otras 36 especies de *Ctenomys*. El Self-GISH indica que 9 y 4 pares cromosómicos carecen de secuencias altamente repetitivas en *C. sp.* y *C. m. brunneus*, respectivamente. La W-CGH revela que no existe expansión diferencial de secuencias repetitivas especie-específicas. Los análisis filogenéticos recobran la monofilia del grupo sur-andino (97.4% bootstrap,  $p=0.98$ ) y muestran que *C. m. brunneus* y *C. sp.* son especies hermanas (83.1% bootstrap,



$p=0.83$ ). Considerando la temprana divergencia filogenética de *C. m. maulinus*, y contraviniendo las expectativas teóricas, se aprecia una drástica disminución de las secuencias repetitivas asociada a la estabilización del cariotipo de mayor número en la transición  $2n=26 - 2n=28$ . Se discuten las implicancias evolutivas de este fenómeno.

CA 30

### MAPEAMENTO CROMOSSÔMICO E ANÁLISE MOLECULAR DE UM ELEMENTO TRANSPONÍVEL EM *Dichotomius schiffleri*

Xavier C<sup>1</sup>, DC Cabral-de-Mello<sup>2</sup>, RC Moura<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Biodiversidade e Genética de Insetos, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, Recife, Brasil. <sup>2</sup>Laboratório de Citogenética Animal, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, Brasil.  
e-mail: crislainexavier@hotmail.com

Elementos transponíveis (TEs) são sequências móveis do genoma, presentes em organismos de todos os reinos. Em besouros, o estudo de TEs tem sido focado na análise das estruturas e comportamentos moleculares de evolução destas sequências. Neste trabalho propusemos investigar a presença de TEs no genoma de *Dichotomius schiffleri* (Coleoptera; Scarabaeidae), mapeando-as através de hibridização *in situ* fluorescente (FISH) e analisando sua estrutura molecular. Distintos primers desenhados para o isolamento de diferentes TEs em insetos foram testados por PCR e apenas um, específico para a amplificação de TEs com repetições terminais invertidas (TIRs), apresentou resultado positivo. O fragmento isolado foi purificado, clonado, sequenciado e utilizado como sonda nos ensaios de FISH. Foi evidenciada a presença do TE na região eucromática dos 8 pares autossômicos e em menor intensidade no bivalente sexual. As sequências obtidas de 3 clones apresentaram TIRs perfeitos de 22pb, com total identidade dos seus 268pb, sem resquício de domínio proteico e um hit de 64bp com um elemento da superfamília hAT (HAT2\_MD) observado em *Monodelphis domestica*. Os resultados indicam que possivelmente trata-se de um MITE (miniature inverted transposable element), TE de DNA não autônomo, que pode ser originado de diferentes superfamílias de TEs, como a hAT. Análises mais acuradas estão em andamento e a utilização de ferramentas computacionais, em conjunto com a análise de um maior número de clones fornecerão subsídios para uma melhor identificação e caracterização deste TE. Apoio

financeiro: FACEPE; FAPESP.

CA 31

### ESTUDO COMPARATIVO DO CARIÓTIPO DE JABUTIS DO GÊNERO *Chelonoidis* (FITZINGER, 1835) (TESTUDINES)

Silva MIA, EA Almeida, M Parini, LPR Venancio, VLO Cardoso, TLC Pereira, JB Bacchi, CR Bonini-Domingos, VAG Moschetta, TL Silva. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" UNESP - IBILCE - Centro de Estudos de Quelônios (CEQ).

e-mail: bebel\_afonso@yahoo.com.br

O presente estudo objetivou analisar as características citogenéticas efetivas para a diferenciação das espécies *Chelonoidis carbonaria* e *C. denticulata*, quelônios terrestres representativos de dois biomas brasileiros (Cerrado e Amazônia) e avaliar a existência de um morfotipo de *C. carbonaria*. Os estudos citogenéticos permitiram o reconhecimento do número cromossômico  $2n=52$  para os três grupos avaliados. O bandamento G não mostrou boa reprodutibilidade e constância nos padrões de bandamentos. Na espécie *C. carbonaria*, a técnica de bandamento C em machos, revelou a presença de heterocromatina constitutiva em dois microcromossomos e na região centromérica de dois macrocromossomos, nas fêmeas apenas dois microcromossomos apresentaram marcação específica. A espécie *C. denticulata* e o grupo *C. carbonaria*, não apresentaram blocos heterocromáticos evidentes. Em todos os grupos avaliados, a impregnação por íons prata (Ag-NOR) revelou marcação no décimo par de cromossomos. Nos machos foram evidenciados as regiões teloméricas de um par de macrocromossomos acrocêntricos, e nas fêmeas em apenas um único macrocromossomo acrocêntrico desse mesmo par. Os resultados da hibridação *in situ*, com sonda de DNAr 28S de anfíbios, revelaram duas RONS nos machos e nas fêmeas dos três grupos de jabutis avaliados. Esses resultados contribuem para o conhecimento da biologia, citogenética e evolução desses animais e, principalmente, geram dados que contribuem para a preservação desse importante grupo de vertebrados.

CA 32

### ESTRUTURA E ORIGEM DE CROMOSSOMOS B EM PEIXES DO



## **GÊNERO *Astyanax* (CHARACIFORMES, CHARACIDAE).**

Silva DMZA, JC Pansonato-Alves, R Utsunomia, C Oliveira, F Foresti. Instituto de Biociências – UNESP. Laboratório de Biologia e Genética de Peixes.

e-mail: duzerbinato@yahoo.com.br

O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de analisar a origem de um cromossomo B metacêntrico presente no conjunto genômico dos representantes de uma população de *Astyanax paranae*, proveniente do rio Tietê, São Paulo, Brasil. O trabalho envolveu o mapeamento e análise de sequências de DNA repetitivo, além de pintura cromossômica com sonda obtida por microdissecção do DNA do cromossomo B. Experimentos de hibridação *in situ* com sondas para DNAr e para as sequências histônicas revelaram que sequências das Histona H<sub>1</sub>, H<sub>3</sub> e DNAr 18S estão localizadas neste cromossomo B, além de estarem localizadas em sintenia no par autossômico número dois. A hibridação com a sonda obtida para o cromossomo B evidenciou sinais de homologia em toda extensão do B e em alguns autossômicos. A análise das sequências encontradas no cromossomo B revelou pouca divergência em relação às sequências autossômicas, sendo que somente algumas mutações foram observadas. A grande similaridade de bases entre as sequências presentes no cromossomo B e nos cromossomos autossômicos reforça a hipótese de origem intraespecífica deste cromossomo, sendo o par metacêntrico dois, que compartilha sequências com o cromossomo B, o possível par ancestral. Adicionalmente, a presença de sítios ribossômicos 18S e das histonas H<sub>1</sub> e H<sub>3</sub> em posições simétricas em ambos os braços do cromossomo B e a grande homologia entre as cromátides reveladas pela pintura cromossômica, reforçam a proposta de que este cromossomo seja um isocromossomo.