

## CA 1

### CARACTERIZACIÓN PRELIMINAR DE LA FAUNA ÍCTICA DEL SISTEMA RAMOS-ACARAGUÁ, CUENCA DEL RÍO URUGUAY, MISIONES, ARGENTINA: CITOGÉNÉTICA Y BIODIVERSIDAD

Pastori M.C.<sup>1</sup>, M.F. Benitez<sup>1</sup>, J.D. Caffetti<sup>1</sup>, G.N.A. Furnus<sup>1</sup>, E.M. García<sup>1</sup>, U.O. Pioli<sup>1</sup>, H.A. Roncati<sup>1</sup>, N. Schenone<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética General y Monitoreo Ambiental, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. Instituto de Biología Subtropical (UNaM-IBS-CONICET). <sup>2</sup>Centro de Investigaciones Antonia Ramos, Fundación Bosques Nativos Argentinos para la Biodiversidad. E-mail: nelida@fceqyn.unam.edu.ar

El arroyo Ramos, tributario del río Acaraguá (cuenca del río Uruguay, Misiones, Argentina), forma parte del área comprendida por el Centro de Investigaciones Antonia Ramos (CIAR). En dicho Centro, ubicado en el Departamento de Oberá, se desarrollan actividades de restauración de bosque nativo y biodiversidad. El objetivo del trabajo fue realizar la descripción citogenética de las especies de peces presentes en el sistema Ramos-Acaraguá, como también estimar su riqueza específica y diversidad. Para ello, se realizaron 3 campañas de muestreo (Diciembre 2013, Marzo 2014 y Marzo 2015) donde se capturaron ejemplares con redes de espera. Las preparaciones cromosómicas se obtuvieron mediante técnicas directas e indirectas a partir de riñón y se utilizaron los índices de Margalef y Shannon para determinar la riqueza específica y diversidad, respectivamente. Se colectaron 91 ejemplares distribuidos en 25 especies agrupados en 9 géneros. Se obtuvieron resultados citogenéticos preliminares para 7 géneros, cuyos números diploides fueron:  $2n=48-50$  (*Astyanax*),  $2n=48$  (*Crenicichla* y *Cichlasoma*),  $2n=50$  (*Acestrorhynchus* y *Oligosarcus*) y  $2n=56$  (*Hemiancistrus* y *Pimelodus*). La riqueza específica fue de 5,320 y la diversidad fue estimada en 3,658 donde la mayor abundancia relativa se observó para el género *Astyanax*. La amplia diversidad hallada en el pequeño curso de agua estudiado destaca la importancia de estos ambientes para su conservación. Los datos presentados contribuyen al conocimiento y caracterización citogenética de la ictiofauna de la provincia de Misiones.

## CA 2

### ESTUDIOS CITOGÉNÉTICOS EN EL BAGRE, *Phractocephalus hemiliopterus* (BLOCH SCHNEIDER, 1801) (PIMELODIDAE), PEZ MUY POPULAR DE LA CUENCA AMAZÓNICA

Swarça A.C.<sup>1</sup>, A.L. Dias<sup>2</sup>, A.S. Fenocchio<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Universidade Estadual de Londrina, Depto. de Histologia, Londrina/Brasil. <sup>2</sup>Universidade Estadual de Londrina, Depto. de Biología General, Londrina, Brasil. <sup>3</sup>Universidad Nacional de Misiones, Depto. de Genética, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: afenocch@fceqyn.unam.edu.ar

*Phractocephalus hemiliopterus* es uno de los mayores peces de agua dulce del mundo, distribuido por toda la región amazónica. Esta especie, a pesar de ser fácilmente identificables morfológicamente, aún es motivo de discusión en relación a su inclusión en la Familia Pimelodidae. El objetivo de este estudio fue describir y analizar citogenéticamente *P. hemiliopterus* comparando los resultados con otras especies relacionadas. El cariotipo, con  $2n=56$  está compuesto por 16m, 20sm, 20st/a (FN=92). Ag-NORs, 18S rDNA y CMA3 fueron coincidentes, marcando el brazo corto de un par de cromosomas subtelocéntricos (par 20), en una constricción secundaria. Los genes ribosomales 5S se ubican intersticialmente en el brazo corto de un único par, no coincidente con las NORs. Las Bandas C revelaron regiones heterocromáticas terminales en varios cromosomas del complemento, incluyendo las Ag-NORs y un par metacéntrico pequeño con una visible banda en región intersticial. Este par de cromosomas podría considerarse un marcador citogenético específico porque parece ser el primer caso de este grupo en el que se identifica. *P. hemiliopterus*, a pesar de ser ubicado por diversos autores en ramas aisladas como grupo hermano del resto de los *Pimelodidae*, comparte algunas características citogenéticas con las especies de *Sorubiminae*, pero requeriría estudios más profundos, incluyendo técnicas moleculares, para definir con mayor precisión su correcta inclusión en algún taxón específico.

## CA 3

### ACTUALIZACIÓN DE LOS ESTUDIOS CITOGÉNÉTICOS EN PECES EN ESTADOS INICIALES DE DESARROLLO DE AFLUENTES DEL RÍO PARANAPANEMA (BRASIL)

Swarça A.C., A.S. Fenocchio, F.S. Almeida, M.L. Orsi.

<sup>1</sup>HISTOGEN, UEL, Londrina-PR, Brasil. <sup>2</sup>Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Departamento de Genética, Posadas, Misiones. <sup>3</sup>LAGEA, UEL, Londrina-PR, Brasil. <sup>4</sup>LEPIB, UEL, Londrina-PR, Brasil.  
E-mail: swarca@uel.br

El objetivo del presente estudio fue actualizar los análisis citogenéticos de las muestras de peces en etapas tempranas del desarrollo de los afluentes del río Paranapanema, para caracterizar las principales áreas de mantenimiento de la fauna de peces. Este tipo de trabajos proporciona bases para futuras acciones ambientales, conservación de la diversidad, preservación y recuperación de zonas afectadas. Las colectas se realizaron de octubre/2012 a marzo/2015. Fueron recogidas muestras pertenecientes a Characiformes (*Aphyocharax anisitsi* y *Serrapinnus notomelas* 2n=50, *Hyphessobrycon eques* y *Bryconamericus stramineus* 2n=52, *Astyanax altiparanae* y *A. bockmanni* 2n=50; *Astyanax fasciatus* 2n=48, *Metynnis maculatus* 2n=62, *Myleus* cf. *rubripinnis* 2n=58, *Parodon nasus* y *Apareiodon affinis* 2n=54, *Piabina argenteus* 2n=50); Siluriformes (*Steindachneridion scripta* 2n=56, *Rhamdia quelen* 2n=58, *Hypostomus* cf. *regani* 2n=72, *Hisonotus* 2n=54, *Corydoras paleatus* 2n=44, *Corydoras* cf. *difluviatilis* 2n=82); Perciformes (*Geophagus brasiliensis*, *Crenichia* sp. *Cichlasoma paranaense*, *Cichla monoculus*, *Oreochromis niloticus* todos con 2n=48); Gymnotiformes (*Gymnotus* 2n=37, 50, 52, 54). La identificación de las especies que están manteniendo su ciclo de reproducción aportará información útil para un mejor aprovechamiento, gestión de los recursos disponibles, sugiriendo en cuales especies nativas son realmente necesarias esfuerzos de cultivo y repoblamiento y cuándo y dónde liberarlas.

## CA 4

### CULTIVO DE LINFOCITOS DE SANGRE PERIFÉRICA DE *Rhinella arenarum*

Agüero R.<sup>1</sup>, M. Vázquez Gómez<sup>1</sup>, S.M. Marsá<sup>1</sup>, L. Moreno<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Nacional de San Luis.

E-mail: rocio\_aguero\_91@hotmail.com

Entre las técnicas más utilizadas para la identificación de diversas especies de anfibios, se encuentra la de cariotipos por técnica directa de obtención de cromosomas, que consiste en inyectar a los ejemplares con colchicina, para luego sacrificarlos y así obtener los cariotipos a partir de los tejidos de médula ósea, intestino y testículos. En el presente trabajo se investigó el establecimiento y mantenimiento de cultivos celulares a partir de sangre periférica de *Rhinella arenarum*. Se utilizaron linfocitos de sangre periférica, que en la mayoría de las especies de este grupo de vertebrados, son las células que se encuentran en mayor cantidad. Se usaron 10 ejemplares adultos de *Rhinella arenarum*, colectados manualmente en muestreos nocturnos en las inmediaciones del río Chorrillos. La obtención de sangre se realizó por punción cardíaca. A la misma se le aplicó el protocolo de cultivo de linfocitos para humanos pero con modificaciones en las variables: concentraciones de muestra, de fitohemaglutinina y de antibióticos; concentración y tiempo de exposición a colchicina; tiempo de exposición a la solución hipotónica; tiempo, medio y temperatura de cultivo. Una vez obtenidas las células metafásicas se colorearon con Giemsa. Esta técnica resultó una herramienta muy útil ya que facilitó la obtención de un gran número de células y en consecuencia, un índice metafásico muy elevado, sin necesidad de sacrificar a los ejemplares muestreados.

CA 5

### MAPAS DE LA RECOMBINACIÓN DE MACROCROMOSOMAS INDIVIDUALES EN MACHOS Y HEMBRAS DE LA CODORNIZ COMÚN (*Coturnix japonica*)

del Priore L.<sup>1</sup>, M.I. Pigozzi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Biomédicas (INBIOMED), CONICET-Universidad de Buenos Aires.

E-mail: mpigozzi@fmed.uba.ar

A fin de comparar las tasas de recombinación en machos y hembras de la codorniz, se localizaron los eventos de recombinación (*crossovers*) mediante la inmunodetección de focos de la proteína MLH1, componente de los nódulos de recombinación maduros. En total se contabilizaron 15.862 eventos de *crossing over* a lo largo de los complejos sinaptonémicos autosómicos en 308 núcleos meióticos de machos y hembras. La frecuencia y distribución del *crossing over* calculadas a partir de los focos de MLH1 mostraron una amplia similitud entre sexos, con un número de focos levemente mayor en las hembras. Este análisis permite predecir que la longitud del mapa genético promedio en la codorniz es de 2580 cM, con una tasa de recombinación genómica de 1,9 cM/Mb, lo que representa diferencias significativas con el pollo. El mapeo de los focos de MLH1 a lo largo de los seis macrobivalentes de mayor tamaño mostró escasa diferencia entre sexos en la distribución de los *crossovers* junto con patrones característicos para los bivalentes metacéntricos y acrocéntricos. Estos resultados proveen información importante para complementar el análisis de los mapas de ligamiento de la especie, además de proporcionar información para entender los mecanismos de la distribución del *crossing over* a lo largo de los brazos cromosómicos.

CA 6

### IMPACTO DE LOS REORDENAMIENTOS CROMOSÓMICOS EN LAS TASAS DE RECOMBINACIÓN DURANTE EL PROCESO DE DIVERGENCIA DE LAS CODORNICES DEL VIEJO MUNDO

del Priore L.<sup>1</sup>, M.I. Pigozzi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Biomédicas (INBIOMED), CONICET-Universidad de Buenos Aires.

E-mail: luciadelpriore24@gmail.com

En el linaje de las codornices del Viejo Mundo, al cual pertenece la codorniz común *Coturnix japonica*, se produjeron dos inversiones pericéntricas en los cromosomas 1 y 2 con respecto al cariotipo ancestral de los Galliformes, mientras que el resto de los macrobivalentes son colineales. En el presente trabajo analizamos si las tasas de recombinación en las codornices del Viejo Mundo han tenido modificaciones que puedan atribuirse a dichos rearrreglos cromosómicos. Con este fin se mapearon los eventos de recombinación a lo largo de los macrobivalentes 1 a 6 en *C. japonica* mediante inmunodetección de la proteína MLH1 durante el paquitene. Para comparar las tasas de recombinación a lo largo de segmentos invertidos y no invertidos se calcularon las tasas de recombinación estandarizadas (SRR, del inglés *Standardized Recombination Rate*) en los bivalentes mencionados. El análisis muestra que las regiones invertidas presentan una tasa de recombinación significativamente menor que las regiones no invertidas dentro de los cromosomas 1 y 2. Un análisis similar entre regiones invertidas y los segmentos colineales (cromosomas 3 a 6) también revela diferencias significativas, con SRR menores en los segmentos invertidos ( $P < 0,05$ , Kruskal-Wallis). Este resultado provee evidencias en favor de un papel de las inversiones en la supresión de la recombinación en coincidencia con observaciones similares en el linaje de los primates.

## CA 7

### ESTUDIOS CITOGÉNÉTICOS EN TRES ESPECIES DE *Chrysopidae* (NEUROPTERA) DE ARGENTINA

Andrada A.R.<sup>1</sup>, V.A. Páez<sup>1</sup>, G.E. Ruíz de Bigliardo<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Fundación Miguel Lillo. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo.

E-mail: grabigliardo@hotmail.com

En Neuroptera, la Familia *Chrysopidae* incluye a los más eficientes depredadores de numerosos insectos plagas de cultivos. Los antecedentes citogenéticos en el Orden revelan segregación a distancia, segregación aquíasmática, cromosomas B, poliploidía y sistemas múltiples de determinación del sexo. El objetivo del presente estudio es contribuir con información citológica en machos de tres especies de la Familia (*Ceraeochrysa cincta*, *Leucochrysa cruentata* y *Plesiochrysa elongata*) colectadas en Argentina. Las preparaciones microscópicas se obtuvieron por técnicas citogenéticas convencionales de fijación y coloración. Las tres especies tienen sistema de determinación del sexo XY. *C. cincta*, exhibe  $n=6$  (5A + XY), *L. cruentata*  $n=8$  (7A + XY) y *P. elongata*  $n=6$  (5A + XY). En las dos primeras especies, los cromosomas sexuales forman un seudobivalente heteromórfico durante la diacinesis, a diferencia de *P. elongata* donde permanecen como univalentes, pero las tres muestran el característico ciclo de aloclia. Se observa en las especies estudiadas, la segregación a distancia descrita para el Orden. Se considera en la Familia dos números básicos  $2n=12$  y  $2n=14$ , aunque también se ha citado especies  $2n=10$  y existe tan sólo un antecedente de  $2n=16$ . Con estos resultados se eleva a ocho los recuentos para las especies de *Chrysopidae* estudiadas en la Argentina, todos realizados en nuestro laboratorio.

## CA 8

### CHROMOSOMAL ORGANIZATION OF REPETITIVE DNAs IN THREE *Spittlebugs* SPECIES

Anjos A.<sup>1</sup>, G.C. Rocha<sup>1</sup>, N.Z. Menezes-de-Carvalho<sup>1</sup>, A. Palladini<sup>2</sup>, T.C. Mariguela<sup>1</sup>, D.C. Cabral-de-Mello<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Estudo em Citogenômica e Evolução Animal, Departamento de Biologia, Instituto de Biociências, UNESP, Rio Claro, SP, Brasil. <sup>2</sup>Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Faculdade de Biociências, Porto Alegre, RS, Brasil.

E-mail: allison\_anjos@hotmail.com

The spittlebugs, belonging to Cercopidae Family are known by the economic losses caused by several species in worldwide plantations. The species *Deois flavopicta*, *D. schach* and *Notozulia entrerriana*, considered pests to cultures of Central and South America were studied here using conventional staining, CMA3/DA/DAPI staining and fluorescent *in situ* hybridization (FISH) for 18S rRNA, U1 snRNA, H3 histone genes and telomeric probe (TTAGG), in order to understand its chromosomal diversification. The karyotype of the two *Deois* species consists of  $2n=19, X0$  with chromosomes similar in size, while *N. entrerriana* has  $2n=15, X0$ , with a bimodal karyotype due the presence of two larger chromosome pairs. The sequential staining revealed heterogeneity regarding to base pairs composition between the chromosomes in each species and only one autosomal G+C-rich block was noticed, while no A+T-rich blocks were observed. The FISH results for multigene families showed a conserved pattern of distribution with one autosomal cluster for each gene in distinct chromosomes per specie. The telomeric probe revealed signals only in terminal regions, but in *N. entrerriana* the large pairs, pairs 1 and 2, revealed faint signals. The three species studied here appear to have been preserved with respect to base-pair richness composition of constitutive heterochromatin and distribution of multigene families, indicating stability of repetitive DNAs distribution, even in species with rearranged karyotype, as noted in *N. entrerriana* with diploid number reduction.