

CA

CITOGENÉTICA
ANIMAL

ANIMAL
CYTOGENETICS

CA 1

**DESCRIPCIÓN CARIOTÍPICA
Y CUANTIFICACIÓN DEL ADN
NUCLEAR EN TRES ESPECIES DEL
GÉNERO *Gyriosomus*: INFERENCIAS
SOBRE EVOLUCIÓN CARIOTÍPICA Y
ESPECIACIÓN**

Araya-Jaime C.^{1,2}, J. Pizarro-Araya³, F. Alfaro Kong^{1,3}, C. Palma Rojas². ¹Instituto de Investigación Multidisciplinar en Ciencia y Tecnología, Universidad de La Serena, La Serena, Chile; ²Facultad de Ciencias, Laboratorio de Genética y Citogenética, Departamento de Biología, Universidad de La Serena, Chile; ³Facultad de Ciencias, Laboratorio de Entomología Ecológica, Departamento de Biología, Universidad de La Serena, Chile. cristian.arayaj3@userena.cl

El género *Gyriosomus* Guérin-Ménéville 1834 comprende un grupo de coleópteros tenebriónidos con cerca de 40 especies descritas, siendo uno de los grupos de insectos endémicos y erémicos más diversificados en Chile. Sus especies son diurnas, de hábitos edafo-épigeos y están asociadas principalmente con la vegetación arbustiva y herbácea de terrazas costeras, planicies y cuencas de la Depresión Intermedia. A pesar de la gran diversidad de especies de coleópteros, la información citogenética disponible para este grupo es escasa, ya que actualmente es cercana al 1% de las especies conocidas. Para los coleópteros en Chile sólo se dispone de antecedentes citogenéticos para algunas especies de la familia Chrysomelidae (Coleoptera). Con el objetivo de aportar nuevos antecedentes al conocimiento de la biología de este género, se describe por primera vez el cariotipo y el tamaño genómico nuclear de *Gyriosomus gebieni* Kulzer 1959, *Gyriosomus whitei* Waterhouse 1844, y *Gyriosomus elongatus* Waterhouse 1843. Los resultados mostraron, para todas las especies, un número diploide $2n=20$ y un sistema de cromosomas sexuales del tipo XYp, pero con diferencias en la morfología cariotípica y en el tamaño de sus genomas nucleares (GN), *G. gebieni* $12M+4SM+4ST+XYp$ (GN=0,60 pg ADN), *G. whitei* $4M+8SM+2ST+4T+XYp$ (GN=1,21 pg ADN) y *G. elongatus* $10M+6SM+2ST+XYp$ (GN= 0,90 pg ADN). Estas diferencias citogenéticas y genómicas encontradas, podrían ser consecuencia de procesos de aislamiento geográfico y de especialización ecológica que presentan estas especies simpátricas al desierto costero chileno.

DIDULS PR192129

CA 2

**ANÁLISIS CITOGENÉTICO EN CANINO
CON LINFOMA MULTICÉNTRICO**

Caliri M.N.^{1,2}, M. Granzotto¹, N.B.M. Gorla^{1,2}. ¹Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción (GenAR), Universidad Juan Agustín Maza, Argentina; ²CONICET, Argentina. martinacaliri23@gmail.com

El linfoma es una neoplasia hematopoyética de alta incidencia en la especie canina, representa entre 7% y 24% del total de las neoplasias. Existen diversos subtipos de linfomas, con escasa estadificación, que puede optimizarse mediante métodos complementarios convencionales. A fin de aportar al conocimiento de linfomas caninos y a la obtención de diagnósticos de certeza se realizó estudio citogenético por cultivo de linfocitos de sangre periférica de un canino macho Bullmastiff entero, de nueve años de edad. El animal presentó en la exploración clínica linfonódulos superficiales aumentados de tamaño, de consistencia firme, móvil e indolora a la palpación, linfedema y dolor en miembro posterior izquierdo. Inicialmente se diagnosticó mediante citología, por punción aspiración con aguja fina, indicando proceso neoplásico compatible con linfoma linfoblástico y se llevaron a cabo estudios complementarios para estadificar al paciente. La citogenética convencional se obtuvo mediante cultivo de sangre periférica en medio de cultivo RPMI 1640 durante 72 h a 37° C, y posterior bandeado GTG. Se analizaron 20 metafases en las que se realizó recuento cromosómico y se armó el cariotipo de seis de ellas. El número modal de cromosomas por metafase fue 78, XY. Los cromosomas de caninos son acro-telocéntricos a excepción de los cromosomas sexuales metacéntricos. Los cariotipos armados revelaron una a tres roturas de cromátida por metafase (7q15, 11q25, 14q15) y material cromosómico extra no identificable por GTG. El abordaje de los casos oncológicos en caninos puede mejorar debido a la disponibilidad de pruebas de laboratorio, imágenes, y estudios de citogenética animal

CA 3

ANÁLISIS CARIOTÍPICO DE *Carollia perspicillata* Y *Carollia castanea* EN SANTANDER, COLOMBIA

Camperos Soledad K.G.¹, L.N. Garzón Gutierrez¹, J.S. Martínez Rico², M.L. Bueno Angulo². ¹Ciencias, Genética, Universidad Industrial de Santander, Colombia; ²Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Colombia. cytogeneticsbats@gmail.com

Carollia es un género de la familia Phyllostomidae ampliamente estudiado en el Neotrópico a nivel morfológico, morfométrico, genético y cromosómico, caracterizándose por presentar una baja variabilidad interespecífica entre los complejos *Carollia brevicauda* y *Carollia perspicillata*, y una alta variabilidad intraespecífica en *Carollia castanea*. La variabilidad cromosómica en *Carollia* a partir de la implementación de patrones de bandas (C, G, NOR) no ha sido caracterizada totalmente en poblaciones colombianas. De esta manera, el objetivo de este estudio fue realizar un análisis cariotípico con implementación de patrones de bandas C y G de los complejos de especies de *Carollia* en el departamento de Santander, Colombia. En tres localidades, se colectaron ocho individuos machos y 11 hembras de *Carollia*. A partir de 14 caracteres morfológicos cualitativos y 20 caracteres morfométricos, se identificaron tres individuos como *C. perspicillata* y uno como *C. castanea*, los demás presentaron caracteres intermedios entre el complejo *C. brevicauda* y *C. perspicillata*. A nivel cariotípico, se obtuvieron metafases de tejido de médula ósea de cada individuo y se analizaron las variables cromosómicas de 168 metafases entre machos (58 metafases) y hembras (110 metafases). Los 15 individuos no identificados presentaron un cariotipo similar a *C. perspicillata*. El número de ploidía fue de $2n=20$ en hembras y $2n=21$ en machos con un patrón de banda G similar en todos los individuos y el sistema de determinación sexual en machos presentó la translocación X-autosoma. Así mismo, se observó una posible inversión paracéntrica en el cromosoma 1 exclusiva del individuo de *C. castanea*, resultado que debe validarse con más ejemplares. Estos resultados permitieron observar la alta variación morfológica intraespecífica de *C. perspicillata* y definir la baja variabilidad cromosómica interespecífica entre *C. perspicillata* y *C. castanea* en algunas poblaciones de *Carollia* en Colombia.

CA 4

P53 EN LINFOCITOS DE RATAS LACTANTES DESNUTRIDAS

González Gutiérrez A.M.¹, A.R. Ortiz-Muñoz¹, M.D.C. García-Rodríguez², E. Cortés-Barberena¹. ¹Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana (UAM) Unidad Iztapalapa, México; ²Facultad de Estudios Superiores (FES) Zaragoza, Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), México. anamglez9@gmail.com

Resultado de la ingesta insuficiente de nutrientes se produce la desnutrición, que impacta principalmente a los niños. Investigaciones resaltan la relación entre este padecimiento y el daño al ADN en humanos y modelos animales. Analizamos la proteína P53 que participa como efector en la vía de reconocimiento del daño al ADN. Inducimos desnutrición experimental a ratas Wistar, asignando 16 crías (grupo desnutrido, DN) a una nodriza, y de seis a siete crías para el grupo bien nutrido (BN); se pesaron al tercer día posterior al día de nacimiento (día 1), para indicar el grado de desnutrición dependiendo del déficit de peso comparado con BN. Se obtuvo sangre por punción cardíaca y se extrajo bazo de ratas BN y con DN moderada y grave el día 21 (destete). Las muestras se incubaron con anticuerpos conjugados para identificar linfocitos T y B, así como P53 sin fosforilar (P53t). Para P53 fosforilada en serina 15 (P53-pSer15) se empleó anticuerpo primario, seguido del secundario con su fluorocromo, para identificar el porcentaje de linfocitos que mostraban la proteína sin fosforilar y fosforilada por citometría de flujo. Se adquirieron 20.000 eventos por muestra en un citómetro FACSCalibur, con un n de 5 por grupo de estudio. Tendencia: los porcentajes de linfocitos T y B y de P53-pSer15 son altos en ambos grupos desnutridos en ambos tejidos comparados con BN. La fosforilación de la serina 15 en P53 es importante para su activación inicial. Es necesario aumentar el n en los grupos de estudio para corroborar los datos obtenidos.