

ASPECTOS CITOGENÉTICOS DE *Rana berlandieri*. (Cytogenetic aspects of *Rana berlandieri*). Aguilar, M.A., Hernández, F. y Béjar, E. Lab. Biol. Cel., Depto. Ciencias de la Salud, Div. CBS. UAM-I. México.

El complejo taxonómico *Rana pipiens* ha sufrido modificaciones y una de ellas, propuesta por Sanders y Smith (1971), considera que las poblaciones de ranas localizadas al sur de Estados Unidos y en la República Mexicana pertenecen a la especie *Rana berlandieri* reconociéndose cinco subespecies distribuidas en el territorio mexicano. La identificación de éstas se basa principalmente en la forma y distribución de las manchas dorsales.

Un estudio citogenético de estas subespecies podría aportar datos importantes para establecer en forma más precisa las relaciones filogenéticas entre estos organismos y contribuir así a esclarecer el problema *R. pipiens*.

Hasta el momento se ha trabajado con las subespecies trilobata (Edo. de Morelos) y forreri (Edo. de Sinaloa) con un total de nueve individuos; el material cromosómico se ha obtenido de la médula ósea y del tejido sanguíneo. Del análisis cromosómico (50 mitosis por individuo), se ha determinado para ambas subespecies un número cromosómico  $2n=26$ , ausencia de cromosomas acrocéntricos y sexuales.

Los cariotipos de estas dos subespecies son semejantes entre sí pero al compararlos con el de *R. pipiens* se observan diferencias notables, y esto apoya la idea de Smith y Sanders de considerarlas como dos especies.

PILI ANNULATI: A PROPOSITO DE UNA FAMILIA. (Pili annulati: A family study). Aguirre-Negrete, M.G. Barba-Rubio, J. Parga, M.A. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Se estudió a una familia en la que tres miembros de dos generaciones presentaron *pili annulati* sin ninguna anomalía asociada. Esta entidad consiste básicamente en zonas de estrechamiento alternadamente pigmentadas o blancas, dándole al pelo una apariencia anular o en bandas. Se efectuaron diferentes modificaciones experimentales para el estudio histopatológico del pelo en microscopio de luz, utilizando potasa, fijación en agua y análisis directo, observándose las alteraciones típicas del *pili annulati*, caracterizadas por zonas de deshidratación ocupadas por aire en células corticales, además de una gran fragilidad de los folículos pilosos al aplicarse la potasa, produciendo modificaciones al pelo que podrían considerarse como patognomónicas.

Se concluye que el *pili annulati* es un rasgo autosómico dominante cuya única repercusión es la estética.

FLUORESCENCIA: SCREENING PARA CROMOSOMA Y. (Fluorescent technique: a screening for the Y chromosome) Aguirre, M. I. Avendaño, I. Aspíllaga, M. Unidad de Genética, Hospital Luis Calvo Mackenna, Santiago.

Desde que se describió la técnica de fluorescencia se ha utilizado como método de diagnóstico en aberraciones gonosómicas, identificación del sexo y diagnóstico prenatal. Se verifica la utilidad que presta este método como screening y se establece el rango de positividad del corpúsculo Y fluorescente en una población normal y patológica. Se analiza las características morfológicas que presenta y su localización dentro del núcleo.

Se estudiaron 50 varones sanos y 10 pacientes incluyendo: Síndrome de Klinefelter; varones XYY; varones portadores de un Y de menor tamaño; pseudohermafroditismo masculino e hipogonadismo hipofisario. Se obtuvo células epiteliales de mucosa bucal que se tiñeron con atebriña al 0.5%. El promedio de positividad que presentan los casos controlados es 35.6%. Promedio en pacientes: síndrome de Klinefelter 35%; varones XYY 16% de corpúsculo simple y 12% con 2 corpúsculos; pseudohermafroditismo masculino 26%; hipogonadismo hipofisario 47%. En casos controles la morfología del corpúsculo Y se presenta como una estructura única en 90% y con aspecto de doble fluorescencia en 10%.

La técnica es simple, de fácil aplicación y ayuda diagnóstica. No se encuentra diferencias significativas entre lo descrito por la literatura y los resultados obtenidos.

POLIMORFISMO GENÉTICO EN CARPAS. (C. CARPIO LIN. 1758). (Genetic polymorphism in Carps. C. carpio Lin 1758). Alay F., Montoya R., Kessi E., Wilckens R., Cabello J. Lab. Genética. Depto. Biol. Molecular. Universidad de Concepción. Proyecto DIC N° 20865.

Isoenzimas y grupos sanguíneos constituyen marcadores genéticos utilizables en el estudio de poblaciones.

El polimorfismo enzimático se estudió mediante electroforesis vertical en poliacrilamida, el eritrocitario a través de hemaglutinación en placas, elaborando sueros heteroinmunes en conejos con absorción posterior. Empleamos 77 Carpas que se sometieron a diversos tratamientos;

a) Polimorfismo tisular. Empleamos músculo cerebro e hígado analizando LDH y Peroxidasa obteniendo entre 1 y 5 bandas para LDH y 1 a 3 bandas para Peroxidasa.

b) Polimorfismo sérico. Además de las anteriores se estudió proteína total y glicoproteínas. Hubo disparidad con respecto a los resultados de a). Proteína total reveló entre 10 y 18 bandas, glicoproteínas entre 4 y 9 bandas. Fosfatasa ácida reveló 1 banda.

c) Polimorfismo eritrocitario. La absorción reveló 3 sueros supuestamente monoespecíficos que sirvieron para caracterizar los ejemplares muestreados.

Se discute el valor de estas técnicas para caracterizar individuos, grupos poblacionales y especies.

ACCION CLASTOGENICA DEL CLORURO DE CADMIO EN HEMOCITOS DE CRATOMELUS ARMATUS BL., 1851. (Clastogenic effect of  $Cl_2Cd$  on hemocytes of *Cratomelus armatus* Bl., 1851). <sup>2</sup>Alarcón, A.M.; Cea, C.G. y Cárcamo, M.J. Lab. Citogenética, Depto. de Biol. Molecular, Fac. Ciencias Biol. y de Rec. Naturales, Universidad de Concepción, Chile.

*C. armatus*, Grillacrido cavador, autóctono, presenta ventajas para evaluar el efecto de mutágenos ambientales entre las que se destacan, facilidad de crianza, capacidad proliferativa de hemocitos *in vivo* bajo inducción, cistos testiculares sincronizados,  $2n = 28, XX \#$ ;  $28, XO \delta$  con cromosomas sexuales grandes y especialmente sensibles a mutágenos, tal como la clorofosfomida. En este estudio se ha evaluado el efecto del  $Cl_2Cd$  dado que la información al respecto es contradictoria en insectos y a su presencia en la biósfera regional del Bio-Bío.

Se trataron 22 individuos del último estado ninfal de cada sexo, subdivididos en 4 grupos. Los individuos de los grupos A, B y C fueron tratados respectivamente con 0,05, 0,025 y 0,000625 mg. de  $Cl_2Cd \times Kg.$  de peso corporal solubilizados en medio de cultivo Grace (TCG) suplementado con extracto de embriones de la misma especie. A los del grupo D se les inoculó sólo con TCG. A las 46 hrs. se cosechó los hemocitos.

Se determinó índice mitótico (IM) y se calificó y cuantificó las aberraciones cromosómicas encontradas aplicándose el ensayo de Wilcoxon -Mann-Whitney para comparar los resultados. Estos indican que hay una elevada frecuencia de fracturas de cromátidas e isocromátidas que aumentan con el aumento de dosis, siendo el cromosoma X el más afectado. Además decrece el IM con las dosis más altas.

Se presentan las tablas correspondientes y se discuten estos resultados.

RESPUESTA A LA SELECCION POR ALTO PESO CORPORAL Y SU EFECTO SOBRE LA FERTILIDAD EN UNA LINEA DE ODOMIZ JAPONESA. (Selection response for high body weight and its effect on fertility in a line of Japanese quail). Alvear, C., Lizana, C y Barria, N. Depto. Producción Animal, Fac. Cs. Agrarias, Veterinarias y Forestales. U. de Chile. Santiago.

A partir de una población base de *Coturnix coturnix japonica*, originada del cruzamiento de dos líneas seleccionadas al límite por peso corporal a los 42 días (P42), se obtuvo una línea (S) que fue sometida por 8 generaciones a selección individual por alto P42 y, otra, utilizada como control (C).

Los objetivos fueron: 1) Determinar variabilidad genética presente en la nueva línea para P42. 2) Evaluar el comportamiento de características reproductivas, que habían sufrido depresión en ambas líneas paternas.

Los resultados mostraron que la respuesta a la selección fue de  $2,81 \pm 1,25$  g. por generación ( $P \leq 0,05$ ) y la  $h^2$  realizada fue  $0,234 \pm 0,08$ . El análisis de las características reproductivas indicó que la postura (%) declinó en  $3,91 \pm 0,61\%$  por generación ( $P \leq 0,005$ ), la fertilidad decreció en  $1,50 \pm 0,91\%$  por generación ( $P \leq 0,10$ ) mientras que la incubabilidad no evidenció tendencia significativa a disminuir.

La selección natural, medida por la razón  $\Delta S$  realizado/ $\Delta S$  intentado, atenuó significativamente la selección artificial en 14,1%.

Se concluyó que es posible restaurar significativamente variabilidad genética a partir de dos líneas "plateau" seleccionadas por el mismo objetivo, pese al efecto negativo de la selección natural. Se observó, además, que a pesar de seleccionar por solo 8 generaciones, los caracteres reproductivos se deterioraron significativamente.

CARIOTIPO E POLIMORFISMO MELANICO DE PHALERIA BRASILIENSIS. (Carotype and melanic polymorphism of *P. brasiliensis*). Almeida, J.R., Caldas, A., Ornellas, N.L., Cabral Neto, J.B., & Almeida, S.B. Univ. Federal Rural do Rio de Janeiro, Brasil.

O besouro de praia *P. brasiliensis* tem ampla distribuição geográfica e apresenta um polimorfismo melânico no desenho dos élitros. Os 17 padrões foram estabelecidos utilizando-se como critério o nº e o tamanho das linhas melânicas ao longo das veias e a posição das faixas melânicas interpostas entre as veias.

Na determinação do cariótipo (9+Xyp) usou-se Técnica de Smith & Virkki.

Após análise da distribuição de frequência dos padrões de maior abrangência geográfica e numérica, associados aos resultados dos tipos de distribuição espacial dos padrões menos frequentes e com localização disjunta e ainda distribuição da diversidade de padrões; propôs-se 4 áreas nucleares de distribuição geográfica. Os trechos propostos para limites são aqueles onde terminam ou começam "clines".

Estes resultados sugerem que estas amostras de 3 transectos do litoral brasileiro representam 4 "ensembles" de populações de *P. brasiliensis* distribuídas nestas regiões.

CITOGENETICA Y CONDUCTA DE ALGUNAS POBLACIONES CHILENAS DE *Acheta assimilis* (Orthoptera: Gryllidae). (Cytogenetics and behaviour in some Chilean populations of *Acheta assimilis* (Orthoptera: Gryllidae)). Alvarez, E., Lamborot, M. y Barrientos, E. Lab. de Citogenética. Depto. Biología. Fac. de Ciencias Básicas y Farmacéuticas. Universidad de Chile.

*Acheta assimilis* en Chile presenta una amplia distribución geográfica. Estudios previos muestran diferencias interpoblacionales en la conducta, biometría y citogenética. Este trabajo caracteriza cromosómicamente algunas poblaciones y presenta datos del comportamiento sexual y canto de llamada del macho.

Los cromosomas se obtienen por suspensión celular; las pautas del cortejo e hibridación por observación directa y el canto de llamada por grabación y registro.

Los resultados indican que *A. assimilis* en Chile conforma poblaciones morfológicamente similares y con las mismas pautas de cortejo. Todas las poblaciones poseen un  $2n: 28$  autosomas más un sistema de determinación sexual XO, a excepción de aquellas que presentan individuos portadores de cromosomas B o su pernumerarios. Sin embargo, es posible diferenciar algunas poblaciones por las formas cromosómicas, el canto de llamada y la dificultad para obtener híbridos interpoblacionales fértiles.

Se discute brevemente la importancia de estas diferencias en el proceso de especiación del grupo.

POLIMORFISMO CROMOSSÓMICO EM *Oryzomys subflavus* (Cricetidae, Rodentia). (Chromosomal polymorphism in *Oryzomys subflavus* (Cricetidae, Rodentia). Almeida, Eunice J.C. e Yonena-Yassuda, Yatiyo. Depto. de Biología, Instituto de Biociências, USP, C.P. 11461, São Paulo, Brasil.

Em *Oryzomys subflavus* determinamos una variación do número diplóide ( $2n=56, 55$  e  $54$ ) e do número fundamental ( $NF=62, 63$ ) tendo sido identificado sete cariótipos diferentes. Foram detectados indivíduos homocigotos e heterocigotos para una fusão cêntrica entre os autossomos dos pares 5 e 6. Foi encontrado também un heteromorfismo no par 5 decorrente de una inversão pericêntrica.

Além do polimorfismo autossômico, em *O. subflavus* ocorrem dois tipos morfológicos de X, acrocêntrico e subteloicêntrico, e dois tipos de Y quanto ao tamanho, acrocêntrico médio e acrocêntrico grande.

Na meiose dos indivíduos heterocigotos para fusão cêntrica ( $2n=55$ ) foi verificada a presença de um trivalente autossômico, o que confirma a existência de um rearranjo Robertsoniano.

(CNPq - Proc. nº 40.0495/80)

TRANSLOCACION ROBERTSONIANA EN EL CERDO DOMESTICO (*Sus scrofa*) 37,XX,-13,-17,t rob(13;17). (A Robertsonian translocation in the domestic pig (*Sus scrofa*) 37,XX,-13,-17,t rob(13;17)). Alonso, R.A. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

En el cerdo doméstico ( $2n=38$ ) una fusión céntrica entre los cromosomas 13 y 17 ha sido previamente reportada. En el cerdo silvestre ( $2n=36$ ) se han descrito fusiones céntricas entre los cromosomas 16 y 17 y entre el 15 y el 17. Nosotros hemos estudiado una cerda doméstica adulta seleccionada al azar para estudios citogenéticos. Se emplearon técnicas estándares de cultivo de sangre periférica total y bandeos G y C para definir un cariotipo 37,XX,-13,-17,t rob(13;17). Aunque no se obtuvo historia clínica, familiar ni reproductiva, el animal era sano y normal en apariencia sin malformaciones visibles, por lo que se asume que la translocación Robertsoniana, que implicó pérdida de un centrómero y los brazos cortos (?) de los cromosomas 13 y 17, no tiene efecto fenotípico. En todas las translocaciones Robertsonianas descritas tanto en el cerdo doméstico como en el silvestre, el cromosoma 17 ha estado involucrado. Las diferencias cariotípicas entre los cerdos silvestres Europeos y Africanos pueden evolutivamente explicarse por fusiones céntricas que probablemente derivaron del cerdo doméstico que es más primitivo. La translocación aquí descrita es muy similar al cromosoma 2 del cerdo silvestre Africano (*Phacochoerus aethiopicus*). Por otra parte, las implicaciones que tienen las translocaciones Robertsonianas en la fertilidad de los portadores aumentan la importancia de la investigación citogenética en los cerdos con fines de producción animal.

BANDAS C CON BrdU EN LOS CROMOSOMAS DEL CERDO DOMESTICO (*Sus scrofa*). (C-banded chromosomes with BrdU in the domestic pig (*Sus scrofa*)). Alonso, R.A. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

En los cromosomas de eucariotes que han incorporado bromodeoxiuridina (BrdU) durante tiempos crecientes de incubación y son teñidos con Hoechst-Giemsa, es posible distinguir las células que han replicado parcial o totalmente durante la fase S del primer ciclo celular, y aquellas que han cursado por dos o más replications, de acuerdo a sus patrones de tinción. Con estas bases estudiamos la dinámica de replicación cromosómica en linfocitos de sangre periférica del cerdo doméstico (*Sus scrofa*) mediante la adición de BrdU ( $10 \mu\text{g/ml}$ ) a las 16, 12 y 8 hrs antes del término de cultivos de 72 hrs y tinción Hoechst-Giemsa. Después de 8 hrs de exposición a la BrdU el 100% de las células en mitosis había cursado sólo una replicación; a las 12 hrs el 59% una, y el 41% dos replications y a las 16 hrs el 20% correspondía a la primera división, el 79% a la segunda y el 1% a la tercera. Asimismo, en algunas mitosis de primera replicación se observó tinción positiva en los centrómeros de todos los cromosomas y en los brazos largos del cromosoma Y, muy similar al bandeo C, así como mitosis en las que sólo algunos de los cromosomas mostraban teñido el centrómero. Estos hallazgos fueron interpretados como indicativos de que en los cromosomas de linfocitos del cerdo se encuentran zonas de replicación temprana alternando con aquellas de replicación tardía de la heterocromatina constitutiva rica en ADN altamente repetitivo.

CARIOTIPO ASIÁTICO ( $2n=42$ ) EN LA RATA NEGRA (*Rattus rattus*) EN MEXICO. (Asiatic karyotype ( $2n=42$ ) in the black rat (*Rattus rattus*) in Mexico). Alonso, R.A., Villagomez, D.A.F., Sánchez, A. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838 y Laboratorio de Genética, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Investigaciones citogenéticas en Norte y Sudamérica han mostrado que el cariotipo de la rata negra (*Rattus rattus*) es invariablemente del tipo Oceánico ( $2n=38$ ), atribuyéndose su origen a las migraciones Europeas.

En virtud de que el cariotipo de la rata negra en México no se conoce, se estudiaron citogenéticamente 10 ratas capturadas en distintos puntos de la ciudad de Guadalajara, Jalisco. Las preparaciones cromosómicas se efectuaron a partir de médula ósea con colchicinización previa, choque hipotónico y bandeo G. Se encontró que el cariotipo en todas las ratas estudiadas correspondía a la variedad Asiática ( $2n=42$ ). Este es el primer hallazgo del tipo Asiático de rata negra en América. Se concluye que otras migraciones además de las Europeas pueden explicar la ocurrencia de esta variedad de rata en el continente Americano.

ASOCIACION VATER EN EL PERRO. (VATER association in the dog). Alonso, R.A. Rivas, F. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Malformaciones aisladas en la porción caudal de los aparatos genito-urinario, digestivo y esquelético son conocidas en el perro, sin embargo, la asociación de varias de estas malformaciones en un mismo individuo no ha sido descrita. Se estudió a una perrita Aire Dale Terrier con malformaciones múltiples y cariotipo 78,XX. Sus padres no consanguíneos, así como 2 hermanos de camada y 7 medios hermanos maternos fueron normales. Los estudios clínicos, radiográficos y anatomopatológicos revelaron las siguientes anomalías: ano imperforado, agenesia de vértebras coxígeas, ausencia de vagina, útero septado, clitorimegalia, agenesia de glándula adrenal unilateral, fístulas recto-vesical, útero-vesical y vesico-externa. Los posibles eventos embrionarios que determinaron estas malformaciones son: 1) falta de fusión del tabique urorectal con la membrana cloacal, 2) persistencia del tabique uterovaginal, 3) falla en la fusión de la punta caudal de los conductos de Müller con el seno urogenital, y 4) desarrollo anormal de los primordios vertebrales a nivel del coxis, en suma, un retraso generalizado en el desarrollo temprano de estructuras mesodérmicas caudales de los sistemas digestivo, genito-urinario y esquelético. Si bien en forma incompleta, estos defectos son comparables al complejo malformativo conocido como asociación VATER en el humano.

ESTUDIO CROMOSOMICO EN PACIENTES OLIGO, ASTENO Y AZOOSPERMICOS. (Chromosomal study in oligo, asthenic and azoospermic patients). Arteta de Molina, J.E. y Monsalve M.V. Dpto. de Biología, Universidad Pedagógica Nacional, Bogotá, Colombia. Dpto. de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

La esterilidad masculina es, muchas veces, la causa de la infertilidad de una pareja. Se han reportado casos de hombres estériles en los cuales se han detectado anomalías cromosómicas.

Se realizó un estudio cromosómico en pacientes estériles remitidos por el Centro Colombiano de Fertilidad y Esterilidad (Bogotá). La muestra estuvo constituida por 15 hombres entre 24 y 46 años de edad, cuyo espermiograma revelaba problemas en cuanto a número y motilidad de espermatozoides, existiendo 8 oligozoospermias, 3 astenozoospermias y 4 azoospermias.

Para la obtención del cariotipo de cada uno de los pacientes se realizó cultivo de leucocitos de sangre periférica. Se aplicaron las técnicas de bandeamiento G y Q; se analizaron 25 metafases por individuo.

Se encontró un paciente azoospermico: 46,XY/47,XXY/47,XY del (Y) y un individuo oligozoospermico: 46,XY/46,XYt(Xqt: 22).

Se observó además una alta incidencia de las variantes heterocromáticas de los cromosomas 1, 3, 9 y 16 y satélites marcadores en los cromosomas acrocéntricos.

La correlación entre esterilidad y los hallazgos cromosómicos se discuten para cada caso.

CLONACION DEL GENE prm A de ESCHERICHIA COLI EN EL BACTERIOFAGO LAMEDA. (Cloning of E.coli prm A gen into bacteriophage lambda heads) L.E.Andrade y C.Celson. Unité de Cytogénétique, Université Catholique de Louvain.

El gene prm A, que codifica una enzima responsable de la metilación de la proteína ribosomal L11 de E.coli, fué clonado usando el bacteriofago 781 como vector, después de la recombinación de los fragmentos Eco R I del ADN de E.coli Prm<sup>+</sup> y de  $\lambda$  781.

La selección del clon de interés fué hecha mediante un test de metilación "in vitro" en el cual se verificó la capacidad de los lisados de bacterias infectadas por estos recombinantes de metilar las subunidades ribosomales 50 S del mutante prm 1 de E.coli, que carecen de grupos metilos en L 11.

El ADN de  $\lambda$  781 recombinante portador del gene prm A, mostró un solo sitio de restricción EcoRI, indicando que el otro se perdió durante la recombinación.

Su actividad de metilación se verificó, infectando un cultivo de E.coli prm 1 y comparando la actividad de metilación, con la de la cepa salvaje, a diferentes tiempos de cultivo. Después de 60 min. de infección y poco antes de la lisis celular, la actividad de metilación observada, fué el doble de la del salvaje, que permaneció constante con el tiempo.

La metilasa en cuestión fué parcialmente purificada en cromatografía de DEAE celulosa, eluida en gradiente de KCl 0.15-0.40 M. Toda la actividad de metilación se recuperó en un solo pice eluido a 0.25 M. La relación entre la actividad específica de la metilasa, después y antes de la purificación fué de 15.

TRASLOCACION A/D: (A/D Translocation) Aspillaga, M. Avendaño, I. Morison, G. Aguirre M.I. Unidad de Genética, Hospital Luis Calvo Mackenna, Santiago.

Se presenta una aberración cromosómica mínima para llamar la atención sobre hechos que pueden hacer pensar en este tipo de enfermedades. Cada día aparecen nuevos casos y variantes clínicas que antes se perdían entre las malformaciones o retardos mental sin causa aparente, o se culpaba a virosis o medicamentos que interferían en el desarrollo embrionario.

Se trata de un lactante de 1 mes que nace de padres jóvenes, caucásicos, sanos y no consanguíneos. El embarazo es controlado y llega a un parto normal de 9 meses. Pesa 2.550 grs. y mide 44 cm. Llama la atención que casi no succiona y al examen físico hay dismorfia facial poco notoria, cardiopatía y riñones palpables, hipotonía muscular y pies en balancín. No se encuentra alteración en el resto del esqueleto. Se analizan exámenes de laboratorio y síntomas que pudiesen correlacionarse con su cromosomopatía. El diagnóstico fué dado por el cariotipo que reveló pequeña pérdida del material genético al mostrar una traslocación A/D. Se hace hincapié en la posibilidad de diagnosticar la causa de malformaciones aún desconocidas.

MOSAICO 48 XYY+21/47 XYY. (Mosaicism 48 XYY+ 21/47 XYY. Avendaño, I. Morizon, G. Aguirre, M. I. Aspillaga, M. Unidad de Genética, Hospital Luis Calvo Mackenna, Santiago.

Se presenta el caso de un niño de un año 3 meses que consultó a la Unidad de Genética del Hospital Luis Calvo Mackenna, por presentar un cuadro clínico de Trisomía 21 aunque atenuado. Padres jóvenes, sanos, caucásicos, no consanguíneos. Madre secundípara, presentó síntomas de aborto espontáneo al 2° y 7° mes. Parto normal, peso de nacimiento 2.650 gr. Se practicó estudio cromosómico en linfocitos comprobándose un mosaico de 48/47 cromosomas. Mediante técnica de fluorescencia, tanto en el bandeado cromosómico como en cromatina Y de núcleos interfásicos, se comprobó que las células con 48 cromosomas presentaban una Trisomía 21+ dos gonosomas Y. La línea con 47 cromosomas presentaba solamente 2 cromosomas Y.

La no disyunción puede afectar a más de un cromosoma, dando imbricación de la signología clásica de cada patología.

DELECCION DEL GONOSOMA Y: ESTUDIO FAMILIAR. (Small Y chromosome: Familial study). Avendaño, I. Morizon, G. Aguirre, M. I. Aspillaga, M. Unidad de Genética, Hospital Luis Calvo Mackenna, Santiago.

Se presenta un caso familiar de gonosoma Y pequeño estudiado a través de 3 generaciones.

El paciente consulta a la edad de 2 meses por presentar retardo psicomotor unido a malformaciones de extremidades y craneofaciales, no patognomónicas. En 1970 se realiza cariógrama en linfocitos con técnica antigua, se comprueba un mosaico XO/XY siendo el gonosoma Y de 1/3 de tamaño comparado con un cromosoma de grupo G. Estudiados el Padre y el abuelo del propósito, presentan igualmente el gonosoma Y de menor tamaño. En el año 1973 frente a un 2° embarazo, se procede a estudio prenatal al 4° mes, siendo de sexo femenino normal. En el año 1979 un 3° embarazo al estudio prenatal muestra un feto de sexo masculino 46 XY. Mediante técnica de bandeado con fluorescencia se aprecia un gonosoma Y de 1/3 de tamaño. Actualmente la madre se encuentra embarazada, el diagnóstico prenatal revela un feto de sexo masculino XY de menor tamaño.

Estaríamos frente a un cromosoma marcador, el que ha perdido parte de su estructura, pero ha conservado su poder masculinizante. Podríamos pensar que el primer caso el mosaico XO/XY iría asociado a otra alteración génica no detectada.

MEJORAMIENTO POBLACIONAL DE MAIZ PARA RENDIMIENTO POR SELECCION MASAL ESTRATIFICADA EN EL SUR DE CHILE (Population improvement of corn for production by stratified mass selection in the southern of Chile). Barriga, P. Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Universidad Austral de Chile, Valdivia.\*

El mejoramiento poblacional de maíz (*Zea mays* L.) permite obtener variedades mejoradas de uso aconsejable en zonas con limitaciones, debido a que su base genética amplia, es fuente de resistencia a condiciones extremas de clima, suelo y enfermedades. Uno de los métodos usados es la selección masal estratificada que permite la máxima utilización de la variabilidad genética aditiva.

Así fue iniciado en 1972-73 en Valdivia, la formación de un compuesto de variedades de gran diversidad genética. Esta población se mantuvo en proceso de recombinación genética por tres años, correspondiendo iniciar en 1975-76 el primer ciclo de selección masal estratificada, con una intensidad de selección de 5%. Con el objeto de testar la eficiencia del método, en 1977-78 se evaluaron las poblaciones SM<sub>0</sub>, SM<sub>1</sub> y SM<sub>2</sub> en bloques completos al azar con diez repeticiones. Para la estimación de los parámetros genéticos, se utilizó el método de los cuadrados mínimos adaptado al modelo propuesto conforme al tipo de selección.

De los resultados obtenidos, se concluye que la selección masal estratificada fue eficiente para el rendimiento, ya que se obtuvo un progreso medio de 22,41% por ciclo de selección. Se analiza y discute el estado actual de la variedad mejorada semi-dentada, denominada "Pinguino", después de cinco ciclos de selección masal estratificada.

\* Proy. D.I. S-77-7

ESTIMATIVAS DE LA VARIACION Y HEREDABILIDAD EN TRITICALE HEXAPLOIDE. (Estimates of variation and heritability in hexaploid triticale). Barriga, P., Fuentes, R. y Carrillo, B. Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Universidad Austral de Chile, Valdivia.\*

El Triticale (*X Triticosecale* Wittmack) es un cereal de reciente creación, sobre el cual existe limitada información en cuanto a su comportamiento bajo condiciones variables del medio. Las estimativas de los componentes de variación fenotípica y heredabilidad son buenos parámetros para determinar la importancia relativa de la variabilidad genética de un carácter y fundamentan las decisiones relativas al mejoramiento de estos.

Se estimó la variabilidad y heredabilidad en sentido amplio de algunos caracteres agronómicos y morfológicos ubicados sobre el nudo de la hojabanera en genotipos de triticale hexaploide. Las estimativas de la heredabilidad fueron calculadas por el método de los componentes de la varianza.

Los coeficientes de variación genética para los caracteres agronómicos y morfológicos fluctuaron entre 2,67-16,40 y 2,00-22,83% respectivamente. Se observó una alta heredabilidad para todos los caracteres agronómicos, excepto para el rendimiento que fue medio. Las estimativas de heredabilidad para los caracteres morfológicos fueron también altas (0,66 a 0,91%), exceptuando el área de la espiga que mostró una baja heredabilidad (0,12). Se discute la presencia de la variabilidad genética y alta heredabilidad para los caracteres analizados.

\* Proy. D.I. RS-77-7

DUPLICACION PARCIAL 15q+ COMO CAUSA ETIOLOGICA DEL SINDROME DE WEAVER (Weaver syndrome caused by partial duplication 15q+). Barreiro C.Z.; Lovell M. y Coco R.. Hospital de Niños de Buenos Aires, Argentina

Solo unas pocas entidades se asocian con excesivo crecimiento y edad ósea acelerada en las primeras etapas de la vida. Por otro lado, la mayoría de las anomalías cromosómicas se caracterizan por presentar retardo de crecimiento, generalmente de origen intrauterino. El objeto de la comunicación es presentar un niño con macrosomía, edad ósea acelerada, apariencia craneofacial inusual, camptodactilia, ensanchamiento distal del fémur, pie bot, cardiopatía congénita y retardo madurativo; con cariotipo 46,XY,der(16),t(15;16)(q23;q23)mat(16pter--16q23::15q23--15qter). Siendo por lo tanto trisómico parcial 15q, desde 15q23 hasta 15qter, y monosómico parcial 16q, desde 16q23 hasta 16qter. La madre era portadora de una translocación equilibrada t(15;16)(q23;q23). Se interpretó al cariotipo desequilibrado del propósito como resultado de segregación anormal adyacente 1 del cuadrivalente meiótico materno M1,22,IV(15q23;16q23).

El fenotipo del paciente es compatible con Síndrome de Weaver, cuya etiología aún no ha sido aclarada.

Es poco probable pensar que el fenotipo del paciente sea un evento independiente de la alteración del cariotipo. Se consigna que concuerda con algunas características craneofaciales de los casos 15q+ y que no presenta ninguna de las características de los 16q- previamente descriptos.

Este hallazgo nos permite inferir que en la etiología del Síndrome de Weaver intervendría una duplicación del segmento distal del cromosoma 15, sin descartar con esto la posible existencia de heterogeneidad genética en el mencionado síndrome.

MALFORMACIONES CONGENITAS EN CHILE; DEFUNCIONES DURANTE DECENIO 1970-1979 A NIVEL NACIONAL Y REGIONAL. (Congenital malformations in Chile. Decease during the period 1970-1979 at the country and regional levels).

Blanco, R.; Kamps, J. y Palomino, H. Depto. Biología Celular y Genética y Escuela de Salud Pública. Fac. Medicina Univ. de Chile

Las defunciones por malformaciones congénitas (MC) (según Clasif. Intern. de Enferm., 9a. revisión, O.M.S.) han aumentado durante el decenio desde un 1,2% en 1970 a un 1,8% en 1979, en relación al total de defunciones. El 82% ocurre en personas de 0 años, el 7% desde 1 a 4 años y el 11% en personas de 5 y más años de edad. Al analizar las defunciones por MC en personas menores de 1 año, en relación al total de defunciones, para este grupo etario, el aumento de defunciones por MC sube desde un 4% en 1970 al 12% en 1979. A su vez, el 57% de estas ocurre en las primeras cuatro semanas de vida (defunciones neonatales).

De las causas específicas de muerte por MC, el 37% corresponde a anomalías del corazón y de las cuales el 82% es en menores de un año, y a su vez, de estas, el 47% son neonatales.

Se estudia la existencia de variación intra e interregional determinándose áreas de alta y baja mortalidad por estas causas; se correlaciona esta variabilidad con recursos en salud, situación geográfica y características étnico-poblacionales.

Financiado por Proyecto B-1219-811-5, SDCACI, Universidad de Chile.

EIXOS EM CROMOSSOMOS MEIOTICOS (Meiotic Chromosomal Scaffold; Beçak, M.L. e Pizzocaro, K.F. - Serviço de Genética, Instituto Butantan - São Paulo, Brasil.

Cromossomos somáticos quando destituídos de suas histonas mostram a ocorrência de eixos proteínicos ácidos. Esses eixos têm afinidade por AgAS e corresponderiam aos complexos sinaptonêmicos existentes no leptoteno e zigoteno.

Escolhemos espermatozoides de *Odontophrynus americanus* (4n=44) cujos aspectos ultraestruturais da cromatina nativa já tinham sido por nós estudados. Os bivalentes foram obtidos pela técnica de dispersão aquosa e prétratamento com solução de 0,6% NaCl.

Observamos que os bivalentes apresentam um esqueleto protéico circundado por um halo de algas cromatínicas solenoidais. O esqueleto é similar ao scaffold ácido obtido em cromossomos metafásicos destituídos de histonas.

A visualização de tais eixos em bivalentes onde as histonas foram preservadas na sua forma nativa solenoidal, afastaria a possibilidade dos eixos serem artefatos criados pela extração de histonas.

NUCLEOLO Y BIVALENTES NUCLEOLARES DEL ESPERMATOCITO HUMANO EN PAQUITENO. -/- (Nucleolus and nucleolar bivalents in human pachytene spermatocytes). Berríos, M.S. y Fernández Donoso, R.\*Unidad de Citogenética, Depto. de Biología Celular y Genética, Fac. de Medicina U. de Chile; Casilla 6556. Santiago 7. CHILE.

En la profase meiótica se forma un nucléolo naturalmente segregado, cuando existe síntesis de rRNA en la región organizadora del nucléolo (NOR). Los complejos sinápticos (CS) de los bivalentes nucleolares humanos están insertos por los telómeros T1 y T2 en la envoltura nuclear. Próximo a T1 y en la periferia del núcleo se sitúa el nucléolo. El material nucleolar compuesto de fibrillas y gránulos de RNP forma una esfera compacta con un espacio irregular en el centro. Dicha esfera está en contacto con la cromatina NOR que se conecta con los elementos laterales del CS. El NOR y T1 están rodeados por una masa de cromatina condensada ampliamente adherida a la envoltura nuclear que correspondería a la cromatina SAT de los cromosomas D y G.

El o los nucléolos del espermatozoides humano en paquiteno están relacionados con el T1 de los bivalentes nucleolares, de allí su posición periférica en el núcleo. El material nucleolar está adherido al bivalente a través del NOR, que está conectado con el CS en una posición equivalente a la de la condensación secundaria del cromosoma metafásico.

\*Proyecto Especial Citogenética-OEA-CHILE y Proyecto B-517-8135 SDCACI.

**ANÁLISIS DE LAS ALTERACIONES CITOGENÉTICAS EN CÉLULAS NEOPLÁSICAS Y PRENEOPLÁSICAS.** (Cytogenetic analysis of neoplastic and preneoplastic cells). Brieux de Salum S., Slavutsky I., Labal de Viruésa M., Larripa I. Academia Nacional de Medicina. Argentina.

La presencia de anomalías cromosómicas constituye una característica prácticamente invariable de toda célula tumoral.

En el presente trabajo se analizaron las alteraciones citogenéticas presentes en desórdenes hematológicos (leucemias, linfomas y estados preleucémicos), estudiados en material de médula ósea y biopsias ganglionares.

Las aneuploidías constituyen el cambio cromosómico más frecuentemente observado.

La leucemia mieloide crónica y ciertos linfomas no-Hodgkin presentan alteraciones estructurales de gran especificidad, en tanto que en algunos casos particulares de estados preleucémicos se observan alteraciones de morfología.

La evolución clonal caracteriza la agudización de leucemia mieloide crónica y mieloblastica aguda. Se destaca la alta incidencia de alteraciones estructurales del cromosoma 1 en casos de mala evolución clínica en linfomas no-Hodgkin.

El compromiso específico de ciertos cromosomas en desórdenes linfó y mieloproliferativos apoya el concepto de desbalance cromosómico en la evolución neoplásica.

**OBSERVACIONES CITOGENÉTICAS EN INTERSEXOS PORCINOS** (Cytogenetical observations in intersexual pigs). Briones, F. y Hebel, P. Depto. Patología. U. de Chile. U. de Concepción.

Con el objeto de contribuir el conocimiento del hermafroditismo en el cerdo, se realizó determinaciones del cariotipo, en células somáticas de 13 intersexos, observándose que 10 de ellos correspondían a hembras genotípicamente normales, 2 a quimeras sanguíneas del tipo "freemartins" y el caso restante a una químera triple XX/XY/XXY.

Además, se estudió el sexo cromatínico en células del epitelio vaginal, lo que reveló que no existen diferencias significativas entre los porcentajes de células positivas a cuerpos de Barr en animales intersexos y hembras normales utilizadas como controles.

De los resultados podría concluirse que la posibilidad de que en el cerdo los genes determinantes de la formación del testículo se encuentra en los cromosomas autosomales y no en el cromosoma Y, no puede ser desechada. Hechos tales como la presencia de testículo en animales genotípicamente hembras así lo demuestra. Sin embargo, parece ser indispensable la presencia del cromosoma Y para que se desarrolle la fertilidad.

**VARIABILIDADE ENZIMÁTICA NA DROSOPHILA WILLISTONI - STURTEVANT: CORRELAÇÕES GENÉTICO-ECOLÓGICAS.** (Enzymatic variability in *Drosophila willistoni* Sturtevant: genetical and ecological correlations). Borba, C.M.B. and Napp, M. - Dept<sup>o</sup> de Genética - UFRGS, P.Alegre, RS Brasil.

Este trabalho visa contribuir para a compreensão do significado adaptativo dos polimorfismos enzimáticos, através da obtenção de dados sobre a ecologia das populações naturais da *Drosophila willistoni* e sua correlação com frequências de isozimas.

O estudo, que vem se processando há 2 anos, acompanha as flutuações populacionais em 3 locais do estado do Rio Grande do Sul, através de coletas periódicas - sobre iscas de banana introduzidas no local e em frutos colhidos do solo, em decomposição. Os três locais diferem ecológica e geograficamente.

No laboratório, as moscas são submetidas a eletroforese, usando-se o sistema de tampões descontínuos (Poulik, 1957) para os sistemas Leucina Amino-Peptidase, Fosfatase Ácida, Malato Desidrogenase, Álcool Desidrogenase e Octanol Desidrogenase, totalizando 6 locos.

A análise realizada indica, para o loco Lap-3, um nº maior de alelos do que o encontrado por autores como Ayala e cols. (1971) em populações naturais da mesma espécie. As diferenças nas frequências alélicas - considerando variáveis como época, local e isca - são significantes.

Os demais sistemas enzimáticos analisados mostram um mesmo alelo como o mais frequente em todas as amostras, e alelos de frequência baixa, cuja distribuição provavelmente deve ser a responsável pelas diferenças apresentadas entre as amostras.

Os resultados sugerem que a heterogeneidade ambiental, tanto no espaço como no tempo, é fator importante para a manutenção da variabilidade enzimática constatada.

**ANTIGENOS DA HISTOCOMPATIBILIDADE E RESISTÊNCIA À DOENÇAS EM BOVINOS.** (Histocompatibility antigens and disease resistance in cattle). J. Bortolozzi e H.C. Hines. Laboratório de Imunogenética. IEBMA-UNESP-Botucatu, SP, Brasil.

Poucos animais infectados naturalmente com vírus da leucose bovina (BLV) desenvolvem linfossarcoma, e essa situação persiste mesmo quando as infecções continuam. Esse fato mostra que outros fatores, além do vírus, devem estar envolvidos na expressão da doença. Uma possibilidade é que o desenvolvimento de linfossarcoma em bovinos infectados com BLV esteja relacionado com antígenos linfocitários específicos, codificados pelo locus do complexo da histocompatibilidade. No presente trabalho foram usados 86 animais da raça Jersey resistentes ao BLV. Uma amostra de 10 cc de sangue periférico foi coletada em meio McCoy e transportada para o laboratório. Foram feitas tipagens eritrocitárias e linfocitárias, de acordo com as técnicas usuais. Os resultados obtidos através do teste de citotoxicidade foram analisados e comparados com os dados de uma população normal e mostraram um aumento significativo da frequência dos alelos W1 e W3 na população experimental. Entretanto, como o número de animais estudados é pequeno e a população controle precisa ser melhor definida, poucas conclusões podem ser tiradas.

Este trabalho está em andamento em colaboração com o Laboratório de Imunogenética de Columbus, Ohio, USA. Financiado pelo CNPq Proc. 40.0594/80.

**POLIMORFISMO CROMOSOMICO EN POBLACIONES CHILENAS DE DROSOPHILA SUBOBSCURA.** (Chromosomal polymorphism in Chilean populations of Drosophila subobscura). Brncic, D., Budnik, M. y Prevosti, A. Dept. Biol. y Gen. Fac. Med. U. de Chile y Dept. Genética, Fac. Biología, U. de Barcelona, España.

En 1978, fué detectada por primera vez en Chile y posiblemente en el Nuevo Mundo, la especie paleártica D. subobscura. En el Viejo Mundo, la especie es polimórfica para 79 ordenaciones cromosómicas que resultan de inversiones simples o combinaciones de ellas (Krimbás y Loukas, 1980). Se consideró de interés conocer la porción del polimorfismo traído por los colonizadores y cuanto de este se mantiene en la actualidad en las poblaciones chilenas.

Las siguientes son las ordenaciones cromosómicas en las poblaciones chilenas:  
Crom. A (X):  $A_{st}, A_2$ . Crom. J:  $J_{st}, J_1$ .

Crom. E:  $E_{st}, E_{1+2}, E_{1+2+9}, E_{1+2+9+3}, E_{1+2+9+12}$ .  
 $E_{16}$ . (Esta última es nueva).

Crom. U:  $U_{st}, U_{1+2}, U_{1+2+8}$ . Crom. O:  $O_{st}, O_{22}, O_{3+4}, O_{3+4+8}, O_{3+4+7}, O_{3+4+2}, O_7$ .

El polimorfismo cromosómico encontrado recuerda al que existe en las poblaciones del Este y Sud-Oeste de España. Se concluye que los individuos colonizadores provinieron de algunas de esas regiones del Viejo Mundo.

(Proyecto B 729-812-5 U. de Chile).

**ESTUDIO CROMOSOMICO Y BANDEAMIENTO EN 4 ESPECIES DE ROEDORES (RODENTIA: CRICETIDAE).** (Chromosomal study and banding pattern in four rodents species).

Brum-Zorrilla, N. y Barrera, J., Div. Citogenética IIBCE, Montevideo-Uruguay.

En el presente trabajo se aporta información sobre los cariotipos de 4 especies de roedores cricétidos, analizados con técnicas de bandeado C y G. Estas especies pertenecen a 3 de los 8 géneros descritos para el Uruguay: Akodon azarae azarae ( $2n=38$ ), Calomys laucha ( $2n=64$ ), Oryzomys delticola ( $2n=62$ ) y Oryzomys flavescens, ( $2n=66$ ). Todas presentan un mecanismo sexual XY♂ y XX♀.

Dichos roedores son reservorios naturales del virus Junin, causante de la fiebre hemorrágica (F.H.), enfermedad muy difundida en Argentina, Brasil y Bolivia.

Investigadores argentinos han planteado la hipótesis de una posible relación entre los polimorfismos cromosómicos, dinámica poblacional e infección del virus (F.H.), en diversas poblaciones de estos roedores. Aunque en el Uruguay sólo se han presentado casos aislados de esta enfermedad, hemos creído de interés realizar el estudio a nivel cromosómico de estas especies a fin de establecer si en nuestro país podría darse la misma situación. Los resultados obtenidos demuestran la existencia de polimorfismos en pares autosómicos y en algunos cromosomas sexuales.

Se analizan y comparan los hallazgos encontrados en las poblaciones uruguayas y argentinas.

Financiado por M.E.C., Uruguay y P.R.D.C.Y.T. OEA.

**MEDIDA DO ENDOCRUZAMENTO ATRAVÉS DO ESTUDO DA ISONIMIA EM UMA POPULAÇÃO BRASILEIRA** (Measurement of Inbreeding through Isonimy study in a Brazilian Population). Cabello, P.H. Lab. Genética, Depto. Ciências da Saúde, Univ. Fed. Sao Carlos (Brasil).

Em 1965 Crow e Manga descreveram um método extremamente simples para estimar o coeficiente de endocruzamento ( $F$  de Wright), utilizando como dados a frequência de matrimônios com sobrenomes idênticos. Esse método tem a grande vantagem de poder medir tanto a consanguinidade próxima como a remota, além disso permite fracionar o endocruzamento total ( $F$ ) em duas partes as quais podem relacionar-se por  $F = \phi + (1-\phi)\alpha$ , onde  $F, \phi$  e  $\alpha$  são análogos a  $F_{IT}$ ,  $F_{IS}$  e  $F_{ST}$  utilizados por Wright. Esta decomposição tem o mérito de medir especificamente os desvios da panmixia através do  $\alpha$ . No estudo feito sobre 1764 casais de uma população rural brasileira obtivemos os seguintes resultados:  $F = 0.0349$ ,  $\phi = 0.0175$  e  $\alpha = 0.0177$ , o que mostra que aproximadamente metade do endocruzamento é causada pela deriva genética, enquanto que a outra metade é devida a acasalamentos não casuais. Análises de genealogias feitas na mesma amostra deram como resultado uma estimativa de  $F = 0.0032$ , mostrando-nos a precariedade de informações, nesta população, sobre casamentos consanguíneos remotos. Outra estimativa de  $\alpha$ , utilizando indicadores polimórficos deu como resultado um valor bastante próximo ( $\alpha = 0.0146$ ) ao determinado pelo estudo de isonimia. Concluímos portanto que os métodos de bioensaio e Isonimia, proporcionam estimativas mais exatas do que as obtidas por análise de genealogias, sobretudo em populações onde a obtenção de informações sobre a consanguinidade é muito precária.

**EFEECTO DEL GENOTIPO DEL HUESPED EN LA MULTIPLICACION Y DISTRIBUCION DE LA "BACTERIOSIS COMUN DEL FREJOL", Xanthomonas phaseoli.** (Effect of host genotype on multiplication and distribution of bean common blight bacteria). Cafati, C. Instituto de Investigaciones Agropecuarias.

Se determinaron las poblaciones de Xanthomonas phaseoli ( $Xp$ , R15-1, mutante resistente a rifampin) presentes en hojas y vainas de genotipos de frejol resistente (frejol Tepary), moderadamente resistentes (MSU051319 y G.N. Valley) y susceptibles (Seaferer y Tuscola), utilizando un medio selectivo conteniendo rifampin. Los padrones de multiplicación de  $Xp$  fueron similares en hojas y vainas de genotipos moderadamente resistentes y susceptibles, siendo las poblaciones bacterianas máximas generalmente más bajas en los primeros, particularmente durante el estado reproductivo de las plantas. Se detectaron altas poblaciones de  $Xp$  en hojas no inoculadas libres de síntomas, en genotipos susceptibles y moderadamente resistentes pero no en el resistente.

La colonización sistémica de las plantas por  $Xp$ , a través de la estación de crecimiento, fue mayor en los genotipos susceptibles, intermedio en los genotipos moderadamente resistentes y no se presentó en el genotipo resistente.

Evidencia ultra estructural reveló que células bacterianas se "fijaron" a las paredes celulares de hojas del genotipo resistente.



PRUEBAS DE COMPORTAMIENTO EN SEIS LINEAS COMERCIALES DE POSTURA. (Random sample test in six lines of laying chicken). Campos M., A. y Magofke S. J.C. Depto de Producción Animal, Universidad de Chile, Santiago

Se comparan características importantes en producción de huevos en 3 líneas de color y 3 líneas blancas de amplia difusión en el país. Se usaron 1200 pollitas individualizadas al nacer, hasta los 390 días de vida. La significación estadística en cada característica se obtuvo por Análisis de Varianza usando contraste ortogonales.

El valor de las características analizadas para el promedio de las líneas de color y blancas fueron respectivamente: edad al inicio de postura  $175,3 \pm 6,6$  y  $172,4 \pm 8,9$ ; número de huevos puestos a los 390 días de vida  $166,3 \pm 16,3$  y  $167,7 \pm 20,8$ , peso promedio de huevo en el período total de postura  $60,2 \pm 4,1$  y  $57,4 \pm 4,3$ , masa de huevo en el período total de postura  $9.822,0 \pm 1.106,7$  gr y  $9.588,1 \pm 1.260,7$  gr; peso vivo al inicio de postura  $1.703 \pm 151$  gr y  $1.367 \pm 167$  gr, a los 240 días de postura  $2.024 \pm 249$  gr y  $1.610 \pm 227$  gr; la mortalidad en la crianza recría y postura fue de 0,83%, 0,67% y 4,23% para las de color y 3,12%, 4,13% y 6,28% para las líneas leghorn; el consumo promedio diario durante el período de postura  $135 \pm 6$  gr y  $125 \pm 7$  gr.

El comportamiento promedio de las líneas de color y blancas muestra desde un punto de vista económico similitud en precocidad y postura, superioridad en las líneas de color en peso de huevo, masa de huevo y mortalidad y superioridad en las líneas blancas, en peso vivo y consumo de alimentos. Dentro de las líneas de color y blancas existen diferencias de mayor significación para algunas características que las observadas al comparar los promedios de las líneas de color y blancas.

ESTADO DIFUSO: SU LOCALIZACION, MORFOLOGIA Y TRANSCRIPCION. (Diffuse stage; its location, morphology and transcription). Cardoso, H., Dutra, A., Stoll, M., Di Tomaso M.V., Peceli, A. División Citogenética, Instituto de Investigaciones Biológicas C. Estable, Montevideo, URUGUAY.

La información sobre el estado difuso como etapa integrante de la profase meiótica del macho es escasa. Se presentan datos sobre esta etapa en las especies de ortópteros: *Dichroplus silveiraguidoi*, *Dichroplus elongatus*, *Dichroplus punctulatus*, *Dichroplus bergii*, *Dichroplus vittatus*, *Zoniopoda tarsata*, *Gryllus argentinus*, *Discophogryllus ontophagus*, *Scapteriscus borrelii*. La información morfológica obtenida con Giemsa, bandeó C, técnicas argentínicas y Hoechst 33258 fue complementada con estudios de la transcripción "in vitro". Los resultados permiten planear la existencia de dos tipos diferentes de estadios difusos: a) localizado entre el paquinema y el diplonema, con una moderada decondensación de la cromatina que es acompañada por un mediano aumento del volumen nuclear. b) el segundo tipo, con un volumen nuclear muy aumentado estaría localizado durante el diplonema medio, permaneciendo condensadas únicamente las regiones heterocromáticas. Los estudios autorradiográficos realizados en las tres especies de grillos no mostraron incorporación del precursor radioactivo durante esta etapa. Este segundo tipo de difuso se ha homologado con el estado plumulado de la meiosis de la hembra; pero a diferencia de ésta, no sería transcripcionalmente activo.

Apoyado por P.R.D.C. y T. de O.E.A. y Ministerio de Educación y Cultura, Uruguay.

ESTUDIO GENETICO DE ESTRABISMO EN VALPARAISO.

(Genetic Study of Strabismus in Valparaiso). Campusano, C., Figueroa, H., Lazo, B., Meyer, F. y Zambra, E. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso.

El término estrabismo implica una serie de manifestaciones clínicas en que su característica principal es la ausencia de fijación binocular perdiéndose el paralelismo de los ejes oculares. Se han postulado diferentes mecanismos de transmisión hereditaria tales como dominancia, recesividad y herencia poligénica entre otras.

Existen pocas referencias de investigaciones de estrabismo en poblaciones chilenas. La presente comunicación es un aporte al conocimiento de la Genética del Estrabismo en poblaciones chilenas estudiando su relación con marcadores genéticos.

Los datos provienen de encuestas realizadas a pacientes de la Clínica de Ojos del Hospital "Carlos Van Buren", de Valparaíso. Se encuestaron 91 pacientes y número igual de familiares. Se encontró un 70,4% de endotropía y un 29,6% de exotropía. El análisis del sistema sanguíneo ABO nos indica que el grupo de las endotropías presenta un mayor porcentaje de individuos grupo A (37,78%), en relación a las exotropías (18,18%). Tipo de Cerúmen nos indica que las exotropías sólo presentan cerúmen blanco a diferencia de las endotropías en que ambos tipos están presentes. Tubérculo de Carabelli y gustación de la Feniltiocarbamida muestran una frecuencia mayor en las endotropías (36,58% y 94,12%) respectivamente.

Estos resultados preliminares nos permiten señalar ciertas tendencias las que deberán ser confirmadas por una muestra de mayor tamaño.

UMA ANÁLISE COMPARATIVA ENTRE DIVERSOS PARÂMETROS ESTIMATIVOS DE ESTABILIDADE EM TRIGO. (A comparison analysis among different parameter stability models in wheat). Carvalho, F.I.F. de, Nodari, R.O. e Federizzi L.C. Dep. de FIT. UFSC, Florianópolis, SC e Dep. de FIT UFRGS, Porto Alegre, RS.

Uma análise das interações genótipo-ambiente foi desenvolvida sobre o caráter rendimento de grãos de 19 genótipos de trigo cultivados em nove locais durante quatro anos no sul do Brasil. A estabilidade foi computada pela média do rendimento de grãos, pela regressão linear do rendimento médio de cada genótipo em relação a produtividade média de todos os genótipos em cada ambiente e pelos desvios da regressão. Os resultados mostraram que os genótipos mais produtivos eram instáveis e os com estabilidade média tinham a mesma capacidade de produtividade da média de todos os genótipos testados. Dos modelos utilizados para estudar as interações genótipo-ambiente, os de EBERHART e RUSSEL e TAI revelaram resultados equivalentes; enquanto que os modelos de WRICKE e HANSON produziram resultados menos expressivos. O envolvimento dos três parâmetros para a estimativa de estabilidade de produção de grãos em trigo foi de fundamental importância.

ACERCA DE UNA PROBABLE RELACION ENTRE LA EVOLUCION RECIENTE DEL GENERO NOTHOSCORDUM (ALLIACEAE) Y LOS CAMBIOS CLIMATICOS DEL PLEISTOCENO. (About the probable relationship between a recent evolution of the genus *Nothoscordum* and the Pleistocene climatic changes). O. Crosa. Regimiento N° 9 1993, Montevideo, Uruguay.

El género *Nothoscordum* se distribuye en la región templada de América del Sur, con su centro de mayor diversidad en las serranías del Sur de Uruguay. Además en esta zona se encuentran varios endemismos y todas las especies diploides detectadas.

El estudio biosistemático de las especies uruguayas sugiere una reciente radiación adaptativa. Esta conclusión resulta del análisis comparativo de numerosos datos referidos a la citología, morfología, distribución geográfica, cruzamientos intraspecíficos y biología floral.

Durante el Pleistoceno, Uruguay y zonas adyacentes estuvieron sometidas a drásticos cambios climáticos, de árido a húmedo, que determinaron sucesivas migraciones florísticas y desencadenaron condiciones favorables para la rápida evolución de diversas taxa y probablemente, para la extinción de otras.

Se discute la posible relación entre la evolución reciente de este género y las oscilaciones climáticas del Pleistoceno. Las serranías del sur de Uruguay, por las características fisiográficas de esta región, habrían servido de refugio a algunas taxa, lo que explicaría la gran concentración de especies y el elevado número de endemismos en esta área.

HERDABILIDADE DO CARÁTER ESTATURA DE PLANTA DE TRIGO: ESTIMATIVA ATRAVÉS DO COEFICIENTE DE REGRESSÃO (Plant stature heritability in wheat: estimate through the regression coefficient). Carvalho, F.I.F. de, Uitdewilligen, W.P.M., Federizzi, L.C., Gomes, E.P., Pfeifer, A.B. e Matos, M.A.O. Dep. de Fit., UFSC, Florianópolis, SC.

O estudo desenvolvido neste trabalho foi estabelecido para determinar a relação entre o desempenho do caráter estatura de planta, entre linhas F<sub>3</sub> ou F<sub>4</sub> ou RC<sub>1</sub>F<sub>2</sub>, derivadas de F<sub>2</sub> ou F<sub>3</sub> ou RC<sub>1</sub>F<sub>1</sub>, de diversos cruzamentos de trigo. Resultados superiores à unidade, para a herdabilidade, foram estimadas através do método de desvio padrão, calculando-se a regressão pela codificação dos dados originais em termos de unidades de desvio padrão. Uma comparação entre o método convencional e o de unidades de desvio padrão foi realizada para as estimativas de herdabilidade. Em programas de melhoramento fitogenético, muitas questões poderão ser respondidas através da estimativa da herdabilidade de um determinado caráter.

ANÁLISE DOS EFEITOS DE POPULAÇÕES E MÉTODOS DE SELEÇÃO APLICADOS EM GERAÇÕES SEGREGANTES DE TRIGO (Analysis of the effects of populations and selection methods applied to wheat segregating generations). Cruz, P.I. e Carvalho, F.I.F. de. EPABA, Salvador, BA e Dep. de Fit. UFSC, Florianópolis, SC.

Quatro experimentos foram conduzidos com a finalidade de determinar os efeitos de um ciclo de pressão de seleção de seis métodos, aplicados na geração F<sub>2</sub> e testados em F<sub>3</sub> e F<sub>4</sub> de diferentes populações de trigos hexaplóides.

Uma oscilação positiva foi observada nestas populações para os caracteres rendimento de grãos, peso de grãos, rendimento biológico, número de colmos/m<sup>2</sup>, índice de colheita e estatura de planta. Os resultados obtidos em certas características agrônomicas indicaram que os métodos de seleção Colméia e Massal com base em aferições métricas, podem ser praticados com vantagens e sem resposta adversa para a maioria dos caracteres. Além disso, foram discutidas as implicações práticas dos resultados obtidos.

ESTUDIO CITOGENETICO DE CINCO ESPECIES DE MACHAERANTHERA Y DE SUS HIBRIDOS F<sub>1</sub>. (A cytogenetic study of five species of *Machaeranthra* and their F<sub>1</sub> hybrids). Cequea Hernández. Depto. de Biología, Universidad de Oriente, Cumaná, Venezuela.

En cuatro especies de plantas anuales: *M. tagetina*, *M. tanacetifolia*, *M. parthenium* y *M. viscida* y en una especie perenne, *M. aquifolia*, fue realizado un estudio citogenético en las especies parentales y en los híbridos intra e interespecíficos aplicando el método de aplastamiento con el objeto de conocer las relaciones cromosómicas de estas especies.

Los resultados de los análisis meióticos en los híbridos intraespecíficos fueron muy similares a los observados en las plantas parentales, porque no fueron notados relocalaciones estructurales de los cromosomas, sin embargo el análisis de los híbridos interespecíficos mostraron translocaciones.

Los datos citogenéticos en las cinco especies indican:

a) *M. parthenium* y *M. tanacetifolia* tienen la misma estructura cromosómica.

b) *M. tagetina*, *M. tanacetifolia* y *M. parthenium* pueden ser consideradas un grupo de especies estrechamente relacionadas y diferentes de *M. viscida*.

c) Existe un mayor grado de homología entre los cromosomas de las especies *M. tagetina*, *M. tanacetifolia* y *M. viscida* en relación a la especie *M. aquifolia*, debido al elevado promedio de quiasma media por célula en diacinesis.

d) *M. viscida* puede pertenecer al género, pero probablemente se derivó de una línea evolutiva diferente a las otras especies anuales usadas en este estudio.

e) Los cambios primarios que distinguen estas especies han sido translocaciones.

DEFORMIDAD DE SPRENGEL, DEFECTO FACIAL MEDIANO Y POLIDACTILIA POSTAXIAL ASOCIADA AL SINDROME DE KLIPPEL-FEIL. (Sprengel Deformity, Medial-Facial Defect and Postaxial Polydactyly associated to the Klippel-Feil Syndrome). Cid-García, A.N. Hernández, A. Fragoso, R. Alvarez, M.C. Nazará, Z. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Se estudió a una niña 46,XX de ocho años de edad que presentó desde el nacimiento defecto facial mediano, cuello corto y alado, limitación en la motilidad del cuello, implantación baja de cabello en nuca, elevamiento de hombros, omóplatos salientes y polidactilia postaxial tipo "A" en pie izquierdo. Los estudios radiológicos además de corroborativos revelaron: braquicefalia, hipertelorismo, defecto de fusión medial del tabique nasal, incisivos laterales ausentes, fusión del cuerpo y apófisis espinosa de la segunda y tercera vértebra cervical. No hubo antecedentes de consanguinidad parental ni de otros afectados en parentela hasta del 4o. grado.

El síndrome de Klippel-Feil, la Deformidad de Sprengel, el Defecto Facial Mediano y la Polidactilia Postaxial como entidades separadas tienen una probable herencia autosómica dominante. La asociación de la Deformidad de Sprengel y la Polidactilia al síndrome de Klippel-Feil ha sido reportada en un 23% y menor del 1% respectivamente. Sin embargo, esta es la primera vez que se describe la asociación con Defecto Facial Mediano, lo que amplía aún más el espectro clínico del síndrome de Klippel-Feil.

MORFOLOGIA DENTARIA Y DISTANCIA BIOLOGICA Y GEOGRAFICA EN POBLACIONES HUMANAS CHILENAS. (Dental morphology, biological and geographic distance in human Chilean populations).

Cisternas, A.; Palomino, H. y Blanco, R. Depto. Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

En el presente trabajo se analizan distancias biológicas entre poblaciones chilenas utilizando para ello, características morfológicas dentarias que poseen un importante componente genético en su determinación.

En el cálculo de las distancias biológicas se utilizó el método de Cavalli-Sforza y Edwards, a partir de las cuales se construyeron dendrogramas. Se hizo además una partición de la distancia de los promedios en componentes de forma y tamaño según método de Spielman.

Este estudio revela que dentro de cada sexo, las correlaciones entre los componentes de tamaño y forma son bajas. Los patrones de relación entre poblaciones basado en el tamaño son independientes entre hombres y mujeres, al contrario de los componentes de forma. Esto implica que es la forma lo que permite diferenciar mejor a las poblaciones y que el tamaño solo lo hace cuando las diferencias son extremas. Se corrobora la utilidad de la morfología dentaria como un indicador útil de diferencias biológicas entre poblaciones.

Financiado por Proyecto 1219-811-5 S.D.C.A.Y.C.I. Universidad de Chile.

CONTROL DE LA SINTESIS DE INVERTASA EN *Neurospora crassa*. (Control of invertase synthesis in *Neurospora crassa*). Cifuentes, V.; Carú, M.; Sepúlveda, A. y Pincheira, G. Lab. de Genética, Fac. Cs. Básicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

Los hongos y levaduras producen enzimas que son liberadas al medio de cultivo. Los mecanismos regulatorios de la síntesis y excreción de estas enzimas son poco conocidos.

En *Neurospora crassa* la síntesis de la invertasa es inducida por la presencia de maltosa en el medio como única fuente de carbono y se reprime con glucosa a concentraciones superiores al 1% (represión catabólica). La represión catabólica en este organismo, a diferencia de lo observado en bacterias parece no estar mediada por los niveles de AMPc.

La actividad de la enzima es independiente de la concentración de glucosa. Experimentos de inhibición con actinomicina-D y cicloheximida, indican que la glucosa actúa a nivel del proceso de transcripción y de traducción. Por otra parte cuando células desreprimidas se colocan en presencia de 2-deoxi-D-glucosa, la excreción de la enzima se inhibe con un patrón similar al efecto de la glucosa.

El análisis genético mediante heterocariosis indica la existencia de al menos 2 genes reguladores no ligados.

De los resultados obtenidos en este trabajo es posible concluir que el mecanismo de regulación de la glucosa en *Neurospora crassa*, ocurre a nivel de la transcripción, traducción y excreción.

MICROEVOLUCION DE POBLACIONES PREHISTORICAS DEL AREA ANDINA. 3. La Población Prehistórica del Morro de Arica Craneometría. (Human Evolution in the Southern Andean Area 3. The Prehistoric Population of Morro de Arica. Craniometry) J.A. Cocilovo, F. Rothhammer, S. Quevedo y E. Llop. Mus. Nac. Hist. Nat. (Chile), Univ. Nac. R. Cuarto (Arg.), Fac. Med. Univ. Chile, Santiago.

El estudio comparado de poblaciones prehistóricas permite conocer la variación espacial y temporal de los caracteres fenotípicos. A partir de esta información es posible construir modelos microevolutivos a nivel local y regional. Para alcanzar una aproximación más eficiente es necesario realizar estudios para conocer los factores de variación intrapoblacional como el sexo, la edad y la deformación artificial.

Se estudia la variación craneométrica según el sexo y la deformación artificial en una muestra de la población prehistórica del Morro de Arica (5-3000 aC), obtenida por Max Uhle en 1913. Aquí hemos empleado solo una parte de la información relevada correspondiente a 75 observaciones de 53 variables absolutas y 20 índices, topográficamente referidos al neuro y al esplanocráneo. Las dósimas de hipótesis sobre los valores medios para los factores antes mencionados fueron realizadas por un diseño dos por dos de análisis de la varianza. Se consideraron solamente individuos adultos, maduros y seniles.

Luego de la confrontación de ejemplares masculinos y femeninos, con y sin deformación respectivamente observamos que el dimorfismo sexual constituye el principal factor de variación, siendo su expresión una función de tamaño, mientras que la práctica deformatoria de tipo circular se manifiesta como un cambio de forma, con intensidad variable dependiente de la región craneana considerada. Se discute la eficiencia relativa de las variables absolutas y de los índices en la expresión de uno u otro efecto, así como las implicancias del fenómeno de interacción sexo/deformación.

**ACIDEMIA PROPIONICA. ANALISIS DE UN CASO CLINICO.** Propionic Acidemia. Analysis of a Clinical Case. Colombo, M., Alvear, J., Moreno, R. y Barros, T. Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, Santiago.

Se estudia un niño de la. 5 ms. de edad que ingresa a los 15 meses a un Centro Cerrado de Recuperación Nutricional por desnutrición de tercer grado. Nacido de embarazo y parto normales, comienza desde los 3 meses a presentar vómitos y bronquitis a repetición. Es hospitalizado por bronconeumonía a los 9 ms. de edad encontrándose como hallazgo importante una hipotonía generalizada marcada, con retraso psicomotor. Se plantea la posibilidad de una enfermedad metabólica, encontrándose en este estudio lo siguiente: hiperglicinemia, hiperglicinuria, y aumento en orina de los siguientes ácidos orgánicos: 3 hidroxipropiónico; 3 hidroxisovalérico; metil cítrico y propionil glicina.

Estos exámenes son compatibles con el diagnóstico de - Acidemia propiónica  
- Deficiencia combinada de carboxilasas.

**MEJORAMIENTO GENETICO DE TRIGO PARA LA REGION CENTRO-NORTE DE CHILE** (Wheat breeding for the central-Northern region of Chile) René Cortázar S. Programa Cereales, Estación Experimental La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago-Chile.

Se analizan las principales características que deben tener las variedades de trigo en esta región y se señala que su importancia relativa es la siguiente: 1) Alto rendimiento, 2) Resistencia a la tendidura, 3) Tolerancia al BYDV (virus del enanismo amarillo de la cebada) 4) Resistencia a enfermedades, 5) Resistencia a las Puccinias, 6) Resistencia a Septoria tritici en la región costera, 7) Buena calidad alimenticia, 8) Buena calidad molenera, 9) Buena calidad para pan o fideos.

Debido al cambio continuo de las razas fisiológicas predominantes en las enfermedades el promedio de vida de una variedad comercial de trigo es inferior a 5 años.

Para poder mantener abastecidos a los agricultores con variedades adecuadas es necesario mantener un programa de mejoramiento genético de gran volumen de trabajo en que se emplean los principales métodos de mejoramiento: a) Introducción, b) Selección por planta individual, c) Cruzamientos, d) Mutación.

En los últimos años e han introducido anualmente del extranjero 3.200 variedades o líneas, se han efectuado más de 1.000 cruzamientos cada año. Se han estudiado en ensayo de rendimiento más de 2.000 líneas o variedades gracias a este programa de ha mantenido abastecidos a los agricultores con variedades adaptadas a sus necesidades.

**ULTRAESTRUCTURA Y ACTIVIDAD NUCLEOLAR: TINCIÓN DE PLATA.** (Ultrastructure and Nucleolar activity: Silver staining). Couve, M., Eduardo, Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso, (Chile).

La Ultraestructura nucleolar ha sido estudiada por numerosos investigadores, mostrando contener ARN ribosomal en forma de fibras y gránulos. El ADN<sub>r</sub> está en centros fibrilares (C.F.) en torno a los cuales la transcripción toma lugar, originando un componente fibrilar denso. La actividad nucleolar durante la I Profase meiótica en mamífero, representa un excelente modelo para el estudio de la Nucleogénesis. El nucleolo y áreas organizadoras de nucleolo (NOR) pueden ser teñidas en forma selectiva en tinciones de Plata (Ag). (1). En este trabajo se correlaciona la ultraestructura nucleolar en células meióticas de mamíferos, con la afinidad selectiva a tinción de Ag. (2). Método que determina una contrastación de elementos fibrilares del nucleolo.

Durante la I Profase meiótica es posible detectar los C.F. asociados al complejo Sinaptonémico. Material fibrilar denso rodea estos C.F. desde donde se organiza un material fibro-granular (Nucleolonema) Este método muestra depósitos de granos de Ag. de aproximadamente 10nm concentrados en torno a los C.F. la que se extienden ligeramente hacia el material fibro-granular. Considerando que la reacción de Ag. es relacionada con elementos fibrilares que contienen ARN<sub>r</sub> transcrito recientemente (2), podemos concluir que este método permite correlacionar en muy buena forma la morfología nucleolar con la actividad de los NOR.

(1) GOODPASTURE, C. & BLOOM, S.E. 1975  
Chromosoma 53, 37

(2) DASKAL, Y, SMETANA, K. & BUSCH, H. 1980  
Exp. Cell Res. 127, 285.

**ALTERACIONES CROMOSOMICAS ESTRUCTURALES PARENTALES Y SINDROME DE DOWN.** (Parental structural chromosomal abnormalities and Down Syndrome). Curotto, B., Seebach, Ch. y Lacassie, Y. Unidad de Genética, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, Santiago.

Algunos factores epidemiológicos pre-disponentes a no-disyunción cromosómica han sido identificados en los últimos años. Sin embargo los factores últimos no han sido determinados, excepto cuando existe anomalías cromosómicas que per se originan segregaciones anormales. En la práctica clínica se investigan los progenitores de pacientes con Síndrome de Down sólo en caso de translocaciones. El hallazgo de alteraciones cromosómicas (inv (9), t(13,14), Dp+, 14p+) en alguno de los progenitores en 4 pacientes con Síndrome de Down por trisomía 21 libre, nos ha motivado a discutir las posibles implicancias de alteraciones estructurales parentales en la segregación anormal de los cromosomas y la importancia de estudiar sistemáticamente ambos padres de niños con Síndrome de Down.

DIAGRAMA PARA ESTIMAR RIESGOS GENÉTICOS DE CONSANGUINIDAD (NOMOGRAM FOR ESTIMATING CONSANGUINITY RISKS) Ricardo Cruz-Coke, Unidad de Genética, Hospital J.J. Aguirre, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago.

La Consanguinidad es un importante problema en Genética Médica pues aumenta significativamente el riesgo de morbilidad por enfermedades hereditarias recesivas. El objeto de este trabajo es diseñar un diagrama general para estimar dichos riesgos específicos.

El diagrama se construyó en base a las tres propiedades del sistema de endocruzamiento; 1) El grado de fijación del alelo recesivo 2) La independencia de las frecuencias génicas en relación a los coeficientes de endocruzamiento y 3) Los riesgos relativos que son inversamente proporcionales a las frecuencias génicas de los alelos mutantes. El diagrama se trazó en función de las frecuencias génicas ( $q$ ) y de los coeficientes de endocruzamiento ( $F$ ).

Como ejemplo se aplica este diagrama para estimar el riesgo de matrimonio de primos hermanos ( $F = 1/16$ ). Con  $q = 0.02$  el riesgo relativo de tener una enfermedad recesiva es 4 veces mayor que en la población panmictica. Con  $q = 0.002$ , el riesgo es 32 veces mayor. El uso de este diagrama permite al consejero genético estimar en forma más correcta y estricta el riesgo relativo por consanguinidad dada, en familias con enfermedades autosómicas recesivas, cuyas frecuencias génicas de sus alelos mutantes sean conocidas.

SIALIDOSIS INFANTIL (Infantil Sialidosis). Chamoles, N. y Sánchez, J.M. Lab. Neuroquímica, Clín. del Sol y Fund. Genética Hum., Bs As

El déficit de neuraminidasa tiene heterogeneidad bioquímica y clínica.

Nuestra presentación consta del estudio de un caso aparentemente clásico de gangliosidosis GM1 tipo 1. A los 11 m mostraba fenotipo hurleriano, hepatomegalia, retardo, mancha rojo cereza, disostosis múltiple, oligosacariduria anormal y déficit de B-galactosidasa en leucocitos y lágrimas. Muere a los 14 m de una infección respiratoria.

El estudio del hígado de un feto afectado de la misma pareja permitió demostrar la existencia de una deficiencia de B-galactosidasa (secundaria) y de una deficiencia de neuraminidasa (primaria), que permite reclasificar este caso como sialidosis infantil.

Esta observación confirma la necesidad del empleo de toda la batería de técnicas enzimáticas en el estudio de este grupo de de tesaurismosis de fisiopatología no clara.

INVESTIGAÇÕES SOBRE RADIORESISTÊNCIA E RADIOSSENSIBILIDADE EM POPULAÇÕES DE *DROSOPHILA MELANOGASTER*. H.H.R. de Andrade e E.K. Marques, Depto de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Estão sendo selecionadas, a partir de um estoque designado CR, duas linhagens de *Drosophila melanogaster*, uma resistente e outra sensível à indução de letais recessivos ligados ao cromossomo X por radiação gama de  $^{60}\text{Co}$ .

A comparação entre as linhagens resistente, sensível e controle mostra uma frequência de letais de 10% para a linhagem resistente, 30% para a linhagem sensível e 15% para a controle.

Estas linhagens foram também testadas para verificar o seu comportamento em relação a letais dominantes. Estudos preliminares mostram que a linhagem resistente à indução de letais recessivos é também resistente à indução de letais dominantes. A linhagem resistente não irradiada produz mais descendentes do que a linhagem controle também não irradiada, sendo que a taxa de fertilidade da linhagem resistente é maior do que a da sensível e controle.

RELACIONES CROMOSOMICAS ENTRE ESPECIES SUBARBUSTIVAS DE *OXALIS* L. (Chromosome relationships between shrubby species of *Oxalis* L.). De Azkue, D. y Martínez, A. Centro de Estudios Farmacológicos y de Principios Naturales (CEFAPRIN). Serrano 661, 1414 Buenos Aires, Argentina.

*Oxalis erosa*, *O. psoraleoides* y *Oxalis* aff. *psoraleoides*  $2n=12$  (2 submetacéntricos + 10 subtelocéntricos) y *O. rhombico-ovata* y *Oxalis* aff. *rhombico-ovata* con  $2n=14$  (14 ST) son las especies de *Oxalis* L. que poseen los cromosomas más grandes encontrados hasta el momento en el género.

Para conocer la afinidad entre los cariotipos se realizaron cruzamientos interespecíficos entre las entidades con  $2n=12$  cromosomas como entre éstas y las de  $2n=14$  cromosomas. Los cromosomas de los híbridos con  $2n=12$  se aparearon normalmente en metafase I con alta frecuencia de quiasmas lo que demuestra la afinidad entre los genomas de estas especies. Esta resultó tanto estructural como genética ya que los híbridos son fértiles. En cambio los híbridos con 13 cromosomas (1 SM + 12 ST) son infértiles y en metafase I presentan una alta frecuencia de univalentes. También se observaron bivalentes heteromórficos entre dos cromosomas ST. Aunque no se encontró trivalentes entre dos subtelocéntricos y el metacéntrico, probablemente debido a la baja frecuencia de quiasmas, fue frecuente observar bivalentes entre un subtelocéntrico y el submetacéntrico. Esto indica que por lo menos un cromosoma de las especies con  $2n=14$  ST es homólogo de un brazo del cromosoma SM de las entidades con  $2n=12$  cromosomas.

RELACION ENTRE FERTILIDAD DE LA ESPIGA E INDICE MEIOTICO EN TRITICALE. Spike Fertility and Meiotic Index Relationship in Triticale, Szpiniak de Ferreira, Beatriz, C. de Genética, F.A.V., Universidad Nacional de Río Cuarto. Rep. Argentina.

El Triticale (X Triticosecale Wittmack) es un aloploide artificial que puede competir con el centeno en calidad forrajera. Los problemas de fertilidad, derivados de su condición de híbrido intergenérico y la corta vida en términos evolutivos, inciden en el costo de implantación. Se estudió la fertilidad de varias introducciones durante 3 años por medio de los siguientes componentes: espiguillas/espiga, granos/espiga y granos/espiguilla. Utilizando la prueba de Duncan se encontró que el  $N_0$  de granos/espiga fue el mejor carácter para diferenciar los cultivares; granos/espiguilla dio resultados similares mientras que espiguillas/espiga no discriminó claramente. También se evaluaron algunas anomalías en la microsporogénesis como indicadoras de fertilidad. El Índice Meiótico (tetradas sin micronúcleos/total de tetradas) fue mejor criterio que la  $\bar{x}$  de micronúcleos/tetradas y, en general, los cultivos de mayor fertilidad de espiga presentaron menos anomalías en Telofase II. Los caracteres citológicos y los de fertilidad de espiga se correlacionaron tomando para ello un cultivar de alta y otro de baja fertilidad. En ambos, IM y granos/espiguilla tuvieron  $r = 0,54^{**}$ . Para IM y granos/espiga  $r$  fue  $0,48^{**}$  en el cv. de baja fertilidad y  $0,38^*$  en el de alta. Esto indica que los disturbios meióticos podrían ser una de las causas de la baja fertilidad. -

EFFECTO DE LA EXPERIENCIA SOCIAL SOBRE LA DISTRIBUCION ESPACIAL DE DROSOPHILA MELANOGASTER. (The effect of social experience on spatial distribution of *D. melanogaster*). del Solar, E. y Kohler, N.

Trabajos previos sobre modificaciones de la conducta de *D. melanogaster* por manipulación experimental de factores ambientales, durante la vida pre-adulta o imago recién emergidos, sugieren la ocurrencia de un proceso de condicionamiento a tales factores. (del Solar, E. et al., 1979).

Aplicando un procedimiento análogo se intentó modificar la expresión de la conducta gregaria, desarrollando individuos aislados versus individuos en grupo (huevo-adulto).

La prueba de agregación se realizó utilizando una esfera sub-dividida en 48 áreas de igual superficie con 4000 ml. de capacidad, introduciéndose grupos de 48 hembras, machos y mixtos.

Se midió la distribución espacial por registro del número de moscas por área y su posición en la esfera, en observaciones de 10 y 20 minutos.

Los resultados muestran que no hay diferencias significativas entre los animales con y sin experiencia de socialización previa.

Trabajo financiado por D.I., U.A.CH. Proyecto RSM-80-41

DETERMINACION DEL POTENCIAL MUTAGENICO DE LA DROGA ANTIPARASITARIA CLOROQUINA, EN DROSOPHILA. Determination of mutagenic potential effect of antiparasitary drug chloroquine in *Drosophila*. m.e. de la rosa, j. guzmán y c.cortinas. I.N.I.N y U.N.A.M.

La cloroquina es una de las drogas más usadas para el tratamiento de las enfermedades intestinales parasitarias. Debido a que es administrada a un número considerable de individuos con edad reproductiva, es de interés probar su potencial mutagénico en diferentes sistemas biológicos.

En el presente trabajo se utilizó *D. melanogaster* como sistema de prueba para detectar el efecto que esta droga tiene en las células germinales de ambos sexos para incrementar la frecuencia de la No-disyunción y de la pérdida del cromosoma X, así como la de letales recesivos ligados al sexo. Se procesaron paralelamente siete grupos en los que se comprendieron un control sin tratamiento y para cada sexo, un grupo con solución de sacarosa, otro con cloroquina  $10^{-3}M$ , otro con la droga en solución  $10^{-4}M$ . La administración del mutágeno se hizo por vía oral a individuos adultos que no habían sido cruzados con anterioridad. Se obtuvieron dos generaciones sucesivas para determinar el incremento del daño genético.

La cloroquina administrada tanto a hembras como a machos de *D. melanogaster* permitió detectar un incremento significativo en la frecuencia de la pérdida del cromosoma X. La producción de letales recesivos no se incrementó. La droga probada no alteró la fertilidad de los individuos tratados, sin embargo la descendencia de las hembras tratadas muestra un descenso significativo de fertilidad. Los resultados obtenidos demuestran que el uso de la cloroquina representa un riesgo genético para los individuos que son sometidos a tratamientos médicos con ella.

MICROFLUOROMETRIA DE NUCLEOS DE LEUCOCITOS HUMANOS TRATADOS CON UNA METIL BENZOQUINONA DE ORIGEN ANIMAL (Microfluorometry of human leukocyte nuclei treated with a methyl benzoquinone of animal origin. Drets, M.E., Aznarez, A., Folle, G. y Carrique, J. Div. Citogenética Humana y Micr. Cuantitativa, Inst. Inv. Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay.

Investigaciones previas (Saez y Drets, 1958 y Drets, Folle y Aznarez, 1980) mostraron que los componentes de la secreción de un arácnido *Acantopachylus aculeatus* poseen un intenso poder clastogénico en varios materiales biológicos. Uno de los componentes de la secreción, la 2,3 metilbenzoquinona no sólo afecta a los cromosomas durante todo el ciclo celular sino que también es capaz de producir bandeo cromosómico *in vivo*. Aún cuando las observaciones realizadas sugieren que esta sustancia afecta las nucleoproteínas, se desconoce su mecanismo de acción. A fin de estudiar este problema hemos desarrollado un programa para análisis computacional on line para exploración automática microfluorométrica de núcleos humanos tratados con la benzoquinona y teñidos con clorhidrato de quinacrina. Este programa es utilizable con el sistema fotométrico de Zeiss MP01 y la computadora Wang 720C operando en forma interactiva con el usuario. Los tiempos de exposición a la benzoquinona variaron de 1 a 30 min. Las medidas indicaron que se produce una limitación del acceso del fluorocromo al ADN nuclear que varió de un 25 % en los 2 primeros min de exposición hasta alcanzar un valor de 45 % aprox. de atenuación a los 10 min manteniéndose este valor con exposiciones más prolongadas. Estas determinaciones apoyan la hipótesis de que la benzoquinona se combina con el ADN cromosómico lo que concurda con la producción de fracturas y bandeo G y C espontáneo. Financiado en parte con fondos del PRDCYT de OEA.

LA PROFASE MEIOTICA DE DISCOPHOGRYLLUS ONTOPHAGUS (ORTHOPTERA-GRYLLOIDEA). (The meiotic prophase of *Discophogryllus ontophagus* (Orthoptera-Grylloidea). Dutra, A., Stoll, M., Peceli, A. y Cardoso, H. División Citogenética, I.I.B.C.E., Montevideo, Uruguay.

El estudio citogenético en insectos ha aportado importante información sobre la secuencia y morfología nuclear durante la meiosis. Con esta finalidad se realizó el estudio del cariotipo y la profase meiótica del grillo *Discophogryllus ontophagus*, utilizando las técnicas de bandec C, argénticas para NOR y el fluorocromo Hoechst 33258. Este insecto posee 9 pares de autosomas y un cromosoma sexual metacéntrico (XO/XX). Durante la meiosis pudimos observar bloques centroméricos bandas C y Hoechst positivos en todos los bivalentes. El cromosoma sexual además de estos bloques positivos, posee bandas intersticiales y teloméricas. Se observa, a diferencia de lo que ocurre en *Gryllus argentinus* la presencia de un solo cromocentro al que confluyen algunos bivalentes. Se describe un estado difuso en el que los autosomas se desespiralizan diferenciándose claramente los bloques positivos. La ubicación de este estado en la profase meiótica se corroboró empleando técnicas específicas que evidencian los complejos sinaptonémicos a nivel óptico. Utilizando las técnicas de plata se observa un aumento progresivo del volumen nucleolar a lo largo de la profase meiótica, advirtiéndose también un cambio paralelo en su morfología y coloración.

Apoiado por P.R.D.C. y T. de O.E.A. y Ministerio de Educación y Cultura, Uruguay.

DIFERENCIACION RAPIDA EN POBLACIONES CHILENAS DE *ESCHSCHOLZIA CALIFORNICA*. Rapid differentiation in Chilean populations of *Eschscholzia californica*.

Eaton, L.C. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Farmaceuticas, U. de Chile.

*Eschscholzia californica* fue introducido en Chile por primera vez entre 1840 y 1865, cerca de Valparaíso. Aparentemente se quedó localizada hasta los fines del siglo 19, y después se dispersó ampliamente en Chile Central, ayudado por el hombre. En varias poblaciones de Chile Central, se estudió presencia y frecuencia de 5 caracteres florales de herencia mendeliana conocida, algunos de ellos presentes en poblaciones en parte de su rango nativo, y otros conocidos solamente en líneas cultivadas. El mapeo y análisis de estos datos demuestra:

- 1) En general, poblaciones vecinas son parecidas.
- 2) La limitada distribución, cerca de Valparaíso, de los caracteres puramente "californianas".
- 3) Centros de diversidad de caracteres de líneas cultivadas, algunos de ellos coincidentes con áreas de introducción conocidas.
- 4) Una pérdida de estos caracteres en áreas de supuesta extensión natural.
- 5) La rápida diferenciación que se ha producido por la combinación de introducción y extensión.

CLASTOGENIA INDUCIDA EN LA 1ª PROFASE MEIOTICA EN *Schistocerca cancellata*, MEDIANTE CICLOFOSFAMIDA. (Clastogeny induced on the first meiotic prophase in *Schistocerca cancellata*, using cyclophosphamide) Ellahueñe, M., Lafuente, N. Departamento de Biología, Laboratorio de Citogenética Experimental, Universidad de Valparaíso.

Se sabe que diversas sustancias químicas presentes en el medio ambiente, tienen acción mutagénica y/o clastogénica, lo que plantea la necesidad de estudiar diversos sistemas de detección y evaluación del riesgo genético asociado a tales exposiciones.

Se ha elegido como modelo experimental a *Schistocerca cancellata* (Acrididae) que, siendo un insecto fitófago, puede constituir un buen indicador de tasa clastogénica ambiental y como agente químico a ciclofosfamida (CFA) que requiere de la acción del metabolismo de organismos susceptibles para ejercer su acción genotóxica. Se detectan y evalúan los diversos tipos de daño cromosómico de acuerdo al tiempo de acción de la droga, en la profase meiótica.

Un grupo de 12 insectos machos adultos se inyectó, con 200 mg de CFA por Kg de peso corporal y un grupo control de 3 individuos. La gonodotomía se realizó a las 24-48-72-96 hrs. de tratamiento. Se fijó en alcohol-ác. acético 3:1 los cromosomas se obtienen por la técnica de "aplastado". Se tiñen con orceína aceto-láctica y Feulgen, analizándose en diploteno medio y en metafase I.

Los tipos de daño varían con los tiempos de tratamiento. Se discuten los resultados en relación a los diferentes estadios de la profase meiótica.

ACCION DE CICLOFOSFAMIDA Y MOSTAZA EN QUINACRINA SOBRE CROMOSOMAS MEIOTICOS DE *Schistocerca cancellata*. (The action of Cyclophosphamide and Quinacrine mustard on meiotic chromosomes of *Schistocerca cancellata*). Ellahueñe, M., Valdivia, R., Garcia, M.T. y La Fuente, N. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso, Laboratorio de Citogenética Experimental

De la gran cantidad de sustancias químicas que presentan actividad genotóxica, se puede distinguir aquellas que requieren de activación metabólica para ejercer su acción mutagénica y/o clastogénica, de las que no la necesitan.

Se emplea *Schistocerca cancellata* (Acrididae), un insecto fitófago de amplia distribución, que podría servir como buen indicador de riesgos genéticos producido por agentes químicos, que además por ser insectos presenta un sistema enzimático microscópico que es similar al presente en mamíferos. Los agentes utilizados son ciclofosfamida (CFA), que requiere activación, mostaza de quinacrina (MQ) que no la necesita, se comparan sus efectos clastogénicos a un mismo tiempo de acción.

Se inyectan tres grupos de 3 individuos c/u: el primero con 200 mg de CFA por Kg de peso corporal el segundo con 50 mg por Kg peso corporal y un tercer grupo control con sueros para insectos. Son sacrificados a las 72 hrs. de tratamiento. Los cromosomas se obtienen mediante la técnica de "aplastado". Se tiñen con orceína aceto-láctica y se analizan en diploteno.

Se compara la clastogenia producida y se discute el sistema ante los dos tipos de agentes.

VISUALIZACIÓN DEL ESQUELETO CROMOSOMICO EN CROMOSOMAS MITÓTICOS Y MEIÓTICOS. (Localization of a chromosomal scaffold in mitotic and meiotic chromosomes) Esponda, P., Rufas, J.S. y Giménez-Martín, G. Instituto de Biología Celular, CSIC, Madrid, Spain.

La estructuración del cromosoma eucariótico sigue siendo en la actualidad ampliamente estudiada, y la posibilidad de un esqueleto ("scaffold") u otro tipo de formación similar que mantendría de alguna forma al cromosoma estructurado, han sido discutidas. El presente trabajo se ha realizado en testículos de cinco especies de Ortópteros y mediante la utilización de dos técnicas diferentes, una basada en la impregnación con sales de plata sobre cromosomas obtenidos mediante fijación en alcohol acético y aplastamiento, y otra, que utiliza la tinción del material en bloque con Osmio p-fenilendiamina seguida de inclusión en acrílico y cortes semifinos para microscopía óptica. Con estas técnicas se ha detectado la existencia de una estructura, aparentemente no cromatínica, que recorre la longitud total de cada cromátida y aparece asociada al cinetócoro. Esta estructura aparece tanto en cromosomas mitóticos como meióticos. En estos últimos es de especial interés, pues localiza con gran precisión los lugares donde existen quiasmas, incluso en periodos tardíos de la profase como diacuinesis y en metafase I. La posibilidad de que esta estructura correspondiera a remanentes de los elementos del complejo sinaptonémico queda descartada con el análisis ultraestructural que revela que los restos del complejo ocupan una posición diferente a la que muestra la estructura en discusión. Se comenta la posibilidad de que tal estructura represente un esqueleto cromosómico ("scaffold").

HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA E REGIÕES IMPREGNADAS POR PRATA DOS CROMOSSOMOS DE ENEOPTERA SURINAMENSIS (C and NOR bands in Eneoptera surinamensis). Ferreira, A. e Virkki, N. Depto. de Biologia, Instituto de Biociências, UNESP, Campus de Rio Claro-SP, Brasil.

Eneoptera surinamensis é um grilo pertencente a subfamília Eneopterinae, caracterizado citologicamente por possuir  $2n \delta = 9$ , um mecanismo cromossômico de determinação sexual do tipo  $X_1X_2Y$  ( $\delta$ ),  $X_1X_1X_2X_2$  ( $\gamma$ ) e por não apresentar durante a prófase I o trívalente sexual normalmente encontrado nas espécies de ortópteros portadores desse mesmo mecanismo de determinação de sexo.

Para melhor se compreender a estrutura dos cromossomos dessa espécie, o padrão de distribuição das Bandas C, as regiões organizadoras do nucléolo, e o comportamento dos cromossomos sexuais foram usadas as técnicas já conhecidas para Bandas C (BaOH e  $AgNO_3$ ).

As técnicas de bandas C e Ag marcam as mesmas regiões cromossômicas. Somente o par autossômico nº 1 possui em grande banda procêntrica de heterocromatina constitutiva. Os demais possuem apenas um par de pontos na região do centrômero. As bandas C nessas regiões são fracas. Os pontos assemelham-se às  $C_d$  bandas de Eiberg (1974) e são interpretadas como placas cinetocóricas. O bivalente dos cromossomos 1 quando seguidos após o diploteno possuíam um de seus braços mais condensado que o outro. Tratamento mais prolongado com BaOH limita a heterocromatina constitutiva desse braço aloclíclico às vizinhanças do centrômero. Impregnação por prata somente são vistas nos cromossomos  $X_1$  e Y. X é totalmente impregnado. O Y apresenta duas bandas localizadas nas regiões correspondentes às falhas vistas nos diplotenos fracamente marcados com bandas C.

EFFECTO CLASTOGENICO DEL ANTINEOPLASICO 5,3'4' TRIHIDROXI 3,6,7,8 TETRAMETOXIFLAVONA DETECTADA MEDIANTE EL ENSAYO DE MICRONUCLEO. (Clastogenic effect of anti neoplastic 5,3'4' trihydroxy 3,6,7,8 tetramethoxyflavone in micronucleus test). Etcheberry, B.K. y Cea, C.G. Lab. Citogenética, Depto. de Biol. Molecular, Fac. de Ciencias Biol. y de Rec. Naturales, Universidad de Concepción, Chile.

Muchas sustancias antineoplásicas son clastogénicas, induciendo alteraciones tanto en células normales como cancerosas, efecto no deseable desde el punto de vista práctico y que es necesario evaluar. En el presente estudio se aplica el ensayo de Micronúcleo (MN) para determinar la actividad clastogénica de la 5,3'4' trihidroxi 3,6,7,8 tetrametoxiflavona (THTF), molécula nueva, aislada de la Compuesta *Gutierrezia resinosa*, que presenta alta actividad antineoplásica en células KB ( $2 \times 10^6$   $\mu$ g/ml).

Se trabajó con 3 grupos de 8 ratones  $\delta$  Balb/c, de 2 meses de edad y de una misma camada. Cada grupo se subdividió en animales tratados ( $A_t$ ,  $B_t$  y  $C_t$ ) y controles ( $A_c$ ,  $B_c$  y  $C_c$ ). A los individuos del grupo  $A_t$  se les inyectó intraperitonealmente 2  $\mu$ g/g de peso, a los del grupo  $B_t$ , 1  $\mu$ g/g y a los del grupo  $C_t$ , 0.5  $\mu$ g/g de peso de THTF disuelta en dioxano-agua. Los controles fueron inyectados sólo con un volumen equivalente de dioxano-agua. Se registró la frecuencia de células policromáticas que presentaron MN, analizando 2500 células por animal. Se compararon los resultados obtenidos entre sí aplicando el ensayo de Wilcoxon-Mann-Whitney.

La THTF presenta fuerte actividad clastogénica en  $A_t$  ( $\bar{X}_{A_t} = 19.82\%$ ) y significativamente superior a ( $\alpha = 0.004$ ),  $B_t$  ( $\bar{X}_{B_t} = 15.26\%$ ) y a su vez con  $C_t$  ( $\bar{X}_{C_t} = 11.53\%$ ) ( $\alpha = 0.004$ ). Los controles no presentan diferencias entre sí. Se discuten estos resultados.

#### CITOLOGIA Y VIABILIDAD DEL POLEN EN *HELIANTHUS ARGOPHYLLUS* T&G X *HELIANTHUS ANNUUS*

L. Citology and pollen viability in *Helianthus argophyllus* T&G x *Helianthus annuus* L. Víctor Ferreyra. C. de Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria. Universidad Nacional de Río Cuarto. Pcia. de Córdoba. Rep. Argentina.

La Sección Annui del género *Helianthus* comprende 13 especies que, salvo excepciones forman una unidad filogenética. *H. annuus* y *H. argophyllus* ( $2n=34$ ) son las más similares desde el punto de vista sistemático. Se analizó la diacuinesis de 575 células madres del polen del  $F_1$ , usando carmín y hematoxilina acética para la tinción de los cromosomas. La viabilidad del polen se estimó por tinción con solución de Alexander, en muestras superiores a 1.000 granos y el porcentaje de semilla  $R_1$  (x *H. annuus*) se determinó sobre 5 capítulos de cada híbrido con una sola polinización. Todas las  $F_1$  mostraron multivalentes, siendo los más frecuentes: 1IV (42% de las CMP), 2IV (33%), 1VI (9%) y 1IV + 1VI (6%). Algunos IV y VI suelen presentarse cerrados. La asociación máxima en una misma CMP fue 1IV + 1XII pero su escasísima frecuencia exige observaciones adicionales. La  $\bar{x}$  de II/CMP fue 14, formándose en total 91% de II, cifra superior a la obtenida en otros híbridos de la Sección. También se identificaron cromosomas retrasados en Anafase I y puentes de cromatina probablemente debidos a inversiones paracéntricas. La viabilidad promedio del polen fue 13% (rango 10-20%) y la cantidad de semilla obtenida en  $R_1$  fue 7-8% (rango 2,5 - 12,5%). Los resultados indican que el híbrido estudiado tiene mayor viabilidad del polen y menos problemas meióticos que otros de la misma sección y demuestran que *H. argophyllus* y *H. annuus* difieren en varias translocaciones, en las que estarían involucrados por lo menos 16 cromosomas, y quizás en alguna inversión.



UMA NOVA SÍNDROME MALFORMATIVA ACRO-RENAL (A New Acro-Renal Syndrome). Freire-Maia, D.V., Trindade, C.E.P., Sugihara, C.Y. e Freire-Maia N. Depto. de Genética, Depto. de Pediatria, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, São Paulo, Brasil, Depto. de Genética, UFPR, Curitiba, Brasil.

Estudamos dois recém-nascidos, um do sexo masculino e outro do feminino, de uma irmandade com 4 gestações (M-aborto-M-F), sendo afetados os dois últimos com uma síndrome malformativa aparentemente não descrita na literatura. Os pais não referem consanguinidade. O primeiro afetado apresentava micrognatia, hidrocefalia, implantação baixa das orelhas com malformação do pavilhão esquerdo, pé torto bilateral, agenesia dos polegares, sindactilia do 4º e 5º artelhos e agenesia ano-retal. A necropsia revelou ainda: hemimelia radial bilateral, agenesia do rim esquerdo, o direito com duplo ureter, estenose do aqueduto (hidrocefalia) e bolsa escrotal pequena com um só testículo. A menina afetada diferia dele por ter tido microcrania, diminuição das fendas palpebrais, apenas agenesia dos polegares (com um apêndice de pele na mão esquerda em lugar do polegar), sindactilia de 4 pododactilos (mais pronunciada entre o 2º e o 3º), dois rins, malformações cardíacas (CIV; PCA; válvulas mitral e tricúspide com um total de três válvulas, sendo uma comum às duas) e fístula retrovaginal. Os cariótipos dos pais e dos afetados mostraram-se normais. A hipótese de um gene autossômico recessivo é compatível com os dados. Essa síndrome pertence ao crescente grupo das acro-renais, marcado por agenesias dos membros e dos rins. (CNPq, FIC).

ESTIMATIVA DO RISCO GENÉTICO DAS RADIAÇÕES NA AMÉRICA LATINA (Estimate of the genetic risk of radiation in Latin America). Freire-Maia, A. e Freire-Maia, N. Depto. Genética, Univ. Est. Paul. (UNESP), Botucatu, São Paulo, e Depto. Genética, Univ. Fed. Pr., Curitiba, Pr, Brasil.

O conhecimento do efeito genético das radiações na espécie humana está se tornando cada vez mais necessário, tendo em vista o aumento, real ou potencial, da exposição do homem a fontes artificiais de radiação, incluindo-se as usinas nucleares. Fizemos um levantamento da literatura especializada e obtivemos estimativas do risco genético das radiações na produção de mutações gênicas (recessivas e dominantes) e aberrações cromossômicas (translocações, perda de cromossomo X e outras anomalias cromossômicas), além de uma estimativa baseada na dose duplicadora. Tais estimativas podem ser aplicadas a populações latino-americanas, desde que sejam feitas algumas simplificações e suposições. No caso do Brasil, por exemplo, calculamos que, se cada indivíduo da população parental recebesse 1 rad de irradiação crônica nas gonadas, a próxima geração, de 60 milhões de descendentes, poderia apresentar, em números aproximados: 1.000 a 33.000 abortos; 5.000 a 31.000 defeitos genéticos, ou seus equivalentes, em recém-nascidos; 12.000 defeitos genéticos graves em crianças e adultos. A estimativa geral foi de 100.000 para abortos, natimortos, mortalidade infanto-juvenil e parte dos defeitos genéticos. Esses números devem ser aceitos com muitas cautelas.

ESTUDO CITOGENÉTICO EM *Scapteromys tumidus* (WATERHOUSE, 1837) NO SUL DO BRASIL. (CRICETIDAE-RODENTIA). (Cytogenetic study of *Scapteromys tumidus* (Waterhouse, 1837) in the south of Brazil (Cricetidae-Rodentia). Freitas, T.R.O. (Depto. de Zoologia & Genética-UFPEL) Mattevi, M.S. & Oliveira, L.F.B. (Depto. de Genética-UFRGS).

O gênero *Scapteromys* apresenta  $2n=24$  e  $NF=40$  no Uruguai e  $2n=32$  e  $NF=40$  na Argentina (Brum, 1964; Brum-Zorrilla e cols., 1972 e Freonza e cols., 1976).

No estado do Rio Grande do Sul, Br, foram estudadas cinco localidades: no sul (Taim, Pelotas e Aceguá), 19 exemplares; no norte (Esmeralda e Cambará), sete exemplares. Foram utilizados bandamentos C e G. Ao sul encontrou-se  $2n=24$  e  $NF=40$  e ao norte  $2n=34$ . O bandamento C foi negativo nos autossomos, ao sul; positivo somente no par nº9, ao norte. O par sexual apresentou-se marcado no sul e em Esmeralda, e somente o Y em Cambará. A banda G mostrou: 1) homologia entre os braços cromossômicos de ambas as formas; 2) três pares são conservados.

A falta de banda C pode ser devida aos rearranjos que englobaram o centrômero. Pode-se supor que este gênero seja pobre em DNA satélite altamente repetitivo e que possua maior fração de DNA satélite moderadamente repetitivo. Evolutivamente as duas formas são distantes devido a presença de rearranjos múltiplos.

INFLUÊNCIA DO PERÍODO SECO SOBRE A PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA NO BRASIL. PARÂMETROS GENÉTICOS (Influence of days dry on milk yield of Holsteins cows in Brazil. Genetic parameters). FREITAS, M.A.R., DUARTE, F.A.M., LÓBO, R.B., NAUFEL, F.E.Z.R.P. - INSTITUTO DE ZOOTECNIA-SP e FACULDADE DE MEDICINA DE RIBEIRÃO PRETO, SÃO PAULO, BRASIL.

Dados de 1172 lactações oriundas de 494 vacas da raça Holandesa variedade malhada de preto, filhas de 70 touros, compreendendo o período de 1964 a 1978 foram analisados para verificar a influência do período seco sobre o desempenho produtivo, assim como, determinar parâmetros genéticos para as produções de leite e gordura. O rebanho em estudo é mantido em uma fazenda localizada no Estado de São Paulo, onde a temperatura média anual durante o período estudado foi de 20°C, com precipitação média de 1.230mm e umidade relativa menor que 85%. As vacas receberam toda a alimentação no cocho tendo como base silagem e capineiras. As análises de variância foram efetuadas de acordo com o método dos quadrados mínimos e da máxima verossimilhança, sendo incluídos no modelo matemático os efeitos de: sexo, mês ano de parição, idade da vaca (linear, quadrático, cúbico), período seco (l, g, c), touro e vaca dentro de touro. As produções foram inicialmente padronizadas para duração da lactação (305 dias) e número de ordenhas (2X). A média não ajustada da produção de leite, em 2.987 lactações, foi de  $4456 \pm 28kg$  (C.V.=3%), com 3,6% de gordura em 318 dias de lactação. Houve influência significativa de todos os efeitos incluídos no modelo, com exceção do sexo da prole.

Em geral, verificou-se aumento na produção de leite de acordo com a duração do período seco, ocorrendo um incremento até os 60 dias de produção, não mostrando a partir daí, qualquer tendência de finida. O coeficiente de herdabilidade da produção de leite obtido foi de 0,25 (CAESP, CNPq, OEA, FAPESP).

GRADIENTE ALTITUDINAL DE 7 RASGOS GENÉTICOS EN POBLACIONES DE PUCHUNCAVI. (Altitudinal gradient of 7 genetic traits in populations of Puchuncavi). Figueroa, H., Campusano, C. y Villarroel, H. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso.

Estudios previos de migración de poblaciones de Puchuncavi indican que los individuos tienden a migrar desde los pueblos de altura a los del valle y a los de la costa, lo cual hace presumir una gradiente altitudinal desde un punto de vista genético. El propósito de esta comunicación es estudiar comparativamente la frecuencia de 7 rasgos genéticos en poblaciones de altura, del valle de la costa.

La información se obtuvo mediante encuesta directa según metodología señalada en comunicación anterior, y corresponde a la totalidad de los estudios básicos de las ocho localidades de la Comuna Puchuncavi. Los rasgos estudiados son grupos sanguíneos del Sistema ABO, consistencia del cerumen, gustación a la PTC, presencia de pelos de las 2das. falanges de los dedos, capacidad de enrollar la lengua, presencia de tubérculo de Carabelli y de diente en Pala.

Los resultados indican una gradiente en aumento desde la altura hacia la costa de los siguientes rasgos: Grupo Sanguíneo A, cerumen seco, gustación a la PTC, presencia de pelos en las 2das. falanges de los dedos y enrollamiento de la lengua. Tubérculo de Carabelli y diente en pala muestran valores heterogéneos, lo cual podría explicarse por la complejidad de sus mecanismos hereditarios. Esto mostraría un cline altitudinal atribuible a un desigual flujo génico entre estas poblaciones.

NUCLÉOLO E REGIÕES ORGANIZADORAS DE NUCLÉOLO EM PEIXES. (Nucleolus and Nucleolus organizer region in fishes). Foresti, F., Depto. de Morfología, IBEM-UNESP, Botucatu, SP., Brasil; Almeida Toledo, L. F. e Toledo Filho, S., Depto. de Biología, Inst. de Biociências, USP, Sao Paulo, Brasil.

Estudos citogenéticos em peixes tem demonstrado ser a região organizadora de nucléolo um caráter de valor para estudos taxonômicos e genético-bioquímicos. Foram revistas na literatura as características da região organizadora de nucléolo (NOR) em alguns grupos de peixes, detectadas através da técnica de impregnação com prata. Em Anostomídeos (Galletti, 1979), esta região se apresenta como pequenas marcas em pares de cromossomos específicos, constituindo-se excelentes marcadores das espécies; na ordem Gymnotiformes (Foresti e col., 1981), um intenso polimorfismo pode ser detectado, com diferentes tamanhos nos pontos de impregnação pela prata, indicando uma possível atividade diferencial destas regiões. Observa-se também que, em algumas espécies de Characidae (Morelli, 1981), estas regiões estão localizadas em mais de um par cromossômico, condição esta pouco comum entre os peixes. Neste quadro geral, o estudo da variabilidade de formas e de manifestação da NOR nos peixes poderia se constituir em instrumento para melhor compreensão dessas regiões nesse grupo e possivelmente nos outros grupos de vertebrados.

(Financiado pelo CNPq. Proc. 40.0502/80).

ESPECIACION SIMPATRICA EN RHAGOLETIS CHILENAS (Diptera Tephritidae) (Sympatric speciation in Chilean *Rhagoletis* (Diptera Tephritidae)). Frias, D. Depto. Biol. Cel. y Gen. Fac. Med. U. de Chile.

La especiación por alopatria es común en casi todos los grupos de animales que se producen sexualmente. Sin embargo, en algunos organismos, en especial los parásitos, se ha propuesto un modelo no tradicional de especiación en el cual los mecanismos de aislamiento reproductivo surgen en simpatría. El objetivo de este trabajo es estudiar los modos de especiación en las *Rhagoletis* chilenas.

A fin de estimar el grado de divergencia evolutiva entre poblaciones de *Rhagoletis* *conversa*, que se asocian a diferentes hospederos, se estudiaron aspectos de su ecología y 14 sistemas enzimáticos en gel de almidón.

Los resultados indican que entre estas razas huéspedes los cambios genéticos son mínimos a pesar de sus grandes diferencias ecológicas. Los estudios biogeográficos muestran que el centro de origen de una de estas razas estaría dentro del rango de distribución de la raza ancestral. Se concluye que en estos dípteros existen fuertes evidencias que indican especiación simpátrica. Financiado con Proyecto N°1195-8113 U. de Chile y CNPq -PIG.

MORFOLOGIA DE LOS ORGANIZADORES NUCLEOLARES (NOR's) EN INDIVIDUOS CON SINDROME DOWN. (Morphology of the Nucleolar Organizers (NOR's) in Individuals with Down Syndrome). A. Flores-Briseño, G., Rodríguez-Flores, L. Sección de Genética Humana, Depto. de Patología, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Nuevo León, MEXICO.

El objetivo del presente trabajo es: 1) Determinar si existe variabilidad morfológica en la región de los NOR's en individuos con S. Down en comparación con los de individuos citogenéticamente normales.

Los organizadores nucleolares se encuentran localizados en la banda p12 de los cromosomas acrocéntricos humanos. Recientemente se ha descrito la aplicación de la plata amoniacal en el estudio de los NOR's en individuos con S. Down; sin embargo, no se han encontrado reportes que describan variantes morfológicas para dicha región en este tipo de cromosomopatía. Linfocitos de sangre periférica fueron cultivados por 72 hrs. a 37°C en atmósfera húmeda de CO<sub>2</sub> al 5% bajo estimulación con fitohemaglutinina. La cosecha de las células se realizó por los métodos convencionales. Para la tinción de los NOR's se utilizó la técnica de Bloom y Goodpasture (1976).

Los resultados obtenidos muestran lo siguiente: a) Se ratifica la presencia de los NOR's en la banda p12.; b) La intensidad del depósito de plata muestra poca diferencia entre individuos de las 2 poblaciones estudiadas.; c) La morfología de los NOR's fue más variable en los individuos con S. Down.; d) la participación más frecuente en asociaciones de aquellos cromosomas con 1 y 3 NOR's positivos a la plata reflejan los mecanismos de deleción y translocación.; e) explicación a los fenómenos de polimorfismo en los brazos cortos de los cromosomas acrocéntricos. Se ampliarán.

ESTRUCTURA Y MORFOLOGIA DE LOS SATELITES EN CROMOSOMAS HUMANOS. (Structure and Morphology of the Human Chromosome Satellites). A. Flores-Briseño, G. Sección de Genética Humana, Depto. de Patología, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Nuevo León, MEXICO.

Durante este trabajo, se investigó la morfología y estructura de las fibras interconectivas de los satélites en cromosomas acrocéntricos asociados en metafase, proponiendo una hipótesis relacionando la estructura y comportamiento de tales fibras con los mecanismos de no-disyunción cromosómica en mitosis ó meiosis.

Empleando diversas técnicas de análisis cromosómico, se ha demostrado la existencia de fibras conectando los brazos cortos de los cromosomas acrocéntricos formando el fenómeno de "asociación cromosómica". En el presente trabajo, se empleó el nitrato de plata -- (AgNO<sub>3</sub>) para teñir y observar la morfología, estructura y comportamiento de tales fibras, basándose en la técnica propuesta por Bloom y Goodpasture en 1976. El cultivo de linfocitos de sangre periférica se llevó a cabo por las técnicas convencionales excepto que el sistema celular se incubó en atmósfera húmeda de CO<sub>2</sub> al 5%.

La visualización de las fibras fué de mejor calidad en cromosomas de profase tardía y prometafase. Morfológicamente, las fibras incluyen la región de los organizadores nucleolares (NOR's), y la región telomérica respectiva postulando que por un mecanismo de condensación de dicha región, se forman los satélites regulando la actividad transcripcional de los cis trones 18S y 28S del rDNA. Por las observaciones realizadas, se propone un mecanismo para explicar el fenómeno de no-disyunción en mitosis ó meiosis que pudiese originar estados cigóticos monosómicos y/o trisómicos.

ESTUDIO EXPERIMENTAL DE LOS MODELOS DE PREDICCIÓN DE LA RESPUESTA A LA SELECCIÓN ARTIFICIAL A CORTO PLAZO. A. Gallego y C. López Fanjul. Depto. Genética, Fac. Biología, Universidad Complutense de Madrid.

Se han seleccionado individual (I) e intra familiarmente (F) 6 repeticiones por método de selección, para bajo número de cerdas es ternopleurales en *D. melanogaster*, durante 6 generaciones.

La intensidad de selección observada fué siempre del orden del 70% de la esperada, debido a falta de normalidad y deterioro de la eficacia biológica. La varianza fenotípica disminuyó al 28% (I) y 51% (F) de su valor inicial en 6 generaciones, debido a efecto de escala. La heredabilidad del carácter se redujo al 18% de su valor inicial (I) y al 80% (F) en 6 generaciones. Los coeficientes de consanguinidad observados coinciden con los esperados en las líneas F y son algo mayores en las líneas I por efecto de selección. En consecuencia, las respuestas observadas y la heredabilidad realizada fueron considerablemente menores que las esperadas. El error empírico de la heredabilidad realizada resultó ser menor que el atribuible al coeficiente de regresión correspondiente, debido a la drástica disminución de la varianza fenotípica.

La variabilidad de la respuesta y de la varianza aditiva observadas no se ajustan a las predicciones teóricas basadas en el modelo infinitesimal.

Los resultados expuestos podrían explicarse si el N° de genes implicados fuese pequeño, como parece deducirse del alto grado de identidad genética de las repeticiones.

ANÁLISIS DE LA DIFERENCIACIÓN MORFOLOGICA Y CROMOSOMICA DE LOS PEJERREYES CHILENOS (PECES: ATHERINIDAE). (Analysis of the morphological and chromosomal differentiation of Chilean pejerreyes) (Pisces: Atherinidae). Gajardo, G. y Arratia, G. Depto. de Biología, Fac. de Medicina Norte, Universidad de Chile y Museum of Natural History, The University of Kansas, Lawrence.

Los pejerreyes chilenos de los géneros *Basilichthys* y *Odontesthes* se distribuyen desde Coquimbo hasta Pto. Montt. Presentan variaciones características en ciertas relaciones corporales, lo que permite reconocer formas locales. En esta comunicación se dan a conocer los cariotipos de cuatro especies con el objeto de determinar si existe variación cromosómica asociada a variabilidad de parámetros de la morfología.

En 50 ejemplares se determinaron 23 relaciones corporales. Las especies analizadas fueron: *B. australis*, *B. microlepidotus*, *O. demuani* y *O. mauleanum*. Los cariotipos se establecieron a partir de placas metafásicas de células branquiales en individuos de ambos sexos. Se determinó el número diploide modal y la morfología cromosómica. El análisis de las relaciones corporales revela diferencias significativas entre especies. Los números diploides, constituidos principalmente por cromosomas telocéntricos, no permiten una clara diferenciación de las especies si bien, algunos pares difieren en su morfología. No se detectaron diferencias cariotípicas entre sexos.

Se discute el significado de los datos cromosómicos y se comparan estos resultados con los estudios realizados en grupos similares de peces.

Trabajo financiado por Proyecto: N748-8145. SDDC

VARIACION Y RELACIONES GENETICAS EN LENGUADOS MARINOS. (Variability and genetic relatedness in marine flatfishes). Galleguillos, R.; Ward, R.D. Depto. de Biología y Tecnología del Mar, Universidad Católica de Chile, Talcahuano. Dept. of Human Sciences, Loughborough University of Technology, Loughborough England.

Durante los últimos años la aplicación masiva de técnicas electroforéticas ha demostrado ser una herramienta importante en la caracterización de la variación genética que existe en poblaciones naturales de animales y plantas; permitiendo discutir el rol que juega esta variación en el problema evolutivo de los organismos.

Los lenguados marinos son un grupo importante de peces desde el punto de vista económico. Presentan un ciclo de vida muy variado: los estados adultos son bentónicos, mientras que sus estados larvales forman parte del plancton. Muchas especies migran hacia las playas arenosas para su alimentación, migrando posteriormente hacia zonas profundas a medida que crecen.

El análisis de seis especies de lenguados pertenecientes a la familia Pleuronectidae, habitantes de las aguas del Atlántico Norte han permitido discutir el significado de la variación genética encontrada por medio de técnicas en gel de almidón. Los valores de Distancia y Similitud genética son calculados de acuerdo a la fórmula dada por Nei para diferentes niveles taxonómicos.

Los resultados obtenidos se discuten de acuerdo con las hipótesis seleccionistas y neutralistas.

ESTUDIO DE LA RESTRICCIÓN-MODIFICACIÓN DEL DNA EN *SALMONELLA TYPHI* (Study of DNA restriction-modification of *Salmonella typhi*). Gama, M.J., Richelle, J. y Martuscelli, J. Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, D.F., México.

Los sistemas de restricción-modificación permiten a una bacteria protegerse contra la invasión de DNA ajeno - proveniente de bacterias diferentes. Las endonucleasas de restricción de una bacteria, cortan todo DNA que no tenga la modificación específica de su especie. Tales sistemas fueron puestos en evidencia y estudiados en varias bacterias como *Escherichia coli* y *Salmonella typhimurium*.

En el presente trabajo se estudió la restricción-modificación de aislamientos clínicos de *S. typhi* utilizando al bacteriófago Mu. Para esto, se volvieron estas cepas sensibles a dicho fago.

Nuestros resultados muestran que no hay restricción en las cepas estudiadas. Esto concuerda con observaciones previas de Bullas y Colson (\*) sobre otros aislamientos de *S. typhi*. Sin embargo, observamos que los fagos Mu crecidos en *S. typhi* no son restringidos en *E. coli* K12 y plaquean con una buena eficiencia en *S. typhimurium*. Esto sugiere que *S. typhi* posee un sistema de modificación que permite a todo DNA proveniente de esta bacteria escapar a la acción de sistemas de restricción tan diferentes como los de *E. coli* K12 y *S. typhimurium*.

(\*) Bullas and Colson. (1975) Molec. gen. Genet. 139, 177-188.

BIOLOGIA POPULACIONAL E COMPORTAMENTO EM HELICONIÍNE OS (LEPIDOPTERA; NYMPHALIDAE): (Population biology and behavior in heliconiines). GARCÍAS, G.L. e ARAÚJO, A.M. (Deptº de Genética - UFRGS, Brasil).

Um dos problemas da Genética Ecológica é explicar a convergência de padrões fenotípicos em grupos miméticos. Uma das abordagens que podem ser feitas é através do estudo das estratégias adaptativas das espécies envolvidas. No presente trabalho, um grupo de 5 espécies de lepidópteros, todas relacionadas filogeneticamente, são analisadas: *Agraulis vanillae*, *Dione juno*, *Dione moneta*, *Dryas julia* e *Eueides aliphera*, às quais formam o chamado "anel mimético laranja", devido a coloração de suas asas. O trabalho, que é desenvolvido no Parque do Turvo, Rio Grande do Sul e complementado em insetário, utiliza entre outras variáveis, as seguintes: flutuações na densidade populacional ao longo do ano, contagem de espermatóforos, comportamento alimentar e reprodutivo, taxa de ovoposição e territorialidade. Quanto a flutuações estacionais observa-se claramente uma diferença no tamanho das populações ao longo do ano, com um pico no início do outono, tornando-se menos abundante no resto do ano, principalmente no final do inverno e início da primavera. Ao longo do ano a espécie mais comum é *Dryas julia* e a menos é *Dione moneta*. Fêmeas das 5 espécies foram sacrificadas e dissecadas, para contagem de espermatóforos. Observou-se que: 1) todas espécies são poligâmicas, com exceção de *Dione moneta* cuja amostra é muito pequena para tal afirmação; 2) o número de espermatóforos varia entre 0 e 2; 3) há sugestão de erosão dos espermatóforos velhos em todas as espécies. A observação do comportamento dos adultos deixa claro o hábito de manter um território de alimentação em *Eueides aliphera* e *Agraulis vanillae*, o que não é observado em *Dryas julia*, cujos machos, inclusive, apresentam hábitos grupais.

ACUMULACION DE LETALES DURANTE EL PROCESO DE SELECCIÓN ARTIFICIAL. A. García-Dorado y C. López-Fanjul. Depto. Genética, Fac. Biología, Univ. Complutense de Madrid.

Cuando la selección artificial favorece a los heterocigotos para un letal recesivo reduce también la homocigosis en otros letales ligados en desequilibrio al primero y, no sufriendo estos últimos toda la presión de la selección natural, su frecuencia puede aumentar por azar aún no teniendo efecto sobre el carácter seleccionado. Así se originan grupos de letales ligados en desequilibrio en una línea seleccionada, cuya media se mantendría y cuya eficacia biológica disminuiría progresivamente.

Se examinaron los letales (cromosoma III) en cuatro líneas seleccionadas (50 generaciones) procedentes de cruzamientos entre cuatro poblaciones naturales y la línea M (previamente seleccionada 130 generaciones) portadora de un letal (cromosoma III) con efecto sobre el carácter seleccionado (bajo número de quetas esternopleurales). Estas líneas presentan la media más baja citada en la literatura.

Se detectaron 18 letales distintos, 15 presentes en más de una línea, por lo que deben proceder de la línea M, de ellos 13 con frecuencia mayor de 0.25 al menos en una línea. Cada línea presenta de 10 a 16 letales formando grupos de acoplamiento y repulsión que originan sistemas equilibrados; de ellos sólo un letal parece tener efecto sobre el carácter, protegiendo así la acumulación observada del resto.

PARAMETROS GENETICOS PARA PRODUCCION DE PELO Y PESO VIVO EN CONEJOS ANGORA. (Genetic parameters for hair production and liveweight in Angora rabbits). García F., X., Magofke S., J.C. y Caro T., W. Depto. Producción Animal, Universidad de Chile, Santiago.

Se estimaron parámetros genéticos, en características de producción de pelo (1ª a 4ª esquila) y peso vivo al destete y en cada esquila. Se trabajó con la información de 600 animales, corregida por sexo, tamaño de camada, estación, lapso interesquila, y edad en el momento del pesaje. Los índices de herencia ( $h^2$ ), correlaciones fenotípicas (rp) e índices de constancia (IC) se estimaron por los modelos 2 y 4 de Harvey.

El IC para producción de pelo sin la primera esquila fue de .40 ± .03. Los  $h^2$  para producción de pelo en la 1ª, 2ª y 3ª esquila fueron de .19 ± .11, .23 ± .12, y .09 ± .11 respectivamente y para pesos al destete (40 días), 65, 141 y 214 días, fueron de: .64 ± .18, .47 ± .15, .72 ± .19 y .67 ± .20. Las mayores rp entre producciones de pelo se obtuvieron al considerar aquellas contiguas y posteriores a la 1ª esquila (rp 2ª - 3ª = .35; rp 3ª - 4ª esquila = .54). Las rp entre pesos vivos contiguos fueron superiores a .60 excepto con pesos al destete. Las rp entre producción de pelo y pesos vivos fueron mayores al relacionar valores tomados a la misma edad, principalmente en las etapas de crecimiento activo. A los 65, 141, 214 y 272 días de edad las rp fueron de .73, .64, .49 y .15 respectivamente. En las condiciones ambientales en que se mantuvieron los animales, la respuesta a la selección por producción de pelo sería lenta, sin embargo, los animales que producen más en su segunda esquila tenderían a seguir haciéndolo en su primer año de producción.

## CAMBIOS EN EL CONTENIDO DE PROTEINAS EN HEPATOCITOS DE RATONES INDUCIDOS CON AROCLOR 1254.

(Changes in the Protein content of mouse hepatocytes induced with Aroclor 1254). García, P. y Horvat, A. Laboratorio de Genética, Universidad Católica de Valparaíso.

Drogas como el fenobarbital, pentotal, y otros compuestos foráneos inducen la expresión de genes que codifican enzimas que los degradan o modifican. Estas enzimas corresponden a dos o tres especies espectralmente distintas de hemoproteínas que se encuentran en el retículo endoplásmico liso de los hepatocitos, cuya movilidad electroforética ha sido caracterizada. Para estudiar los factores que están involucrados en la expresión de estos genes, hemos caracterizado el contenido de proteínas en distintas fracciones subcelulares de hepatocitos de ratones normales e inducidos con Aroclor 1254.

La inducción consiste en una inyección intraperitoneal de 500 mg/kg de Aroclor 1254 al 10% en aceite de maíz. Cinco días después, los hígados son homogenizados, las distintas fracciones preparadas y las proteínas extraídas con Acetona. Posteriormente, éstas fueron resueltas en geles de poliacrilamida uní y bidimensionales.

En ratones tratados, hay un incremento de las proteínas de peso molecular de 49,000, 51,000, 54,000, y 55,000 d., que se encuentran en la fracción microsomal y que corresponden a las citocromos P-448 y P-450. Además, en la fracción soluble una proteína de peso molecular de 23,000 d. se encuentra en mayor cantidad en ratones tratados.

AISLAMIENTO DE MUTANTES PIOCINA-RESISTENTES EN CEPAS DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA. (Isolating of pycocin-resistant mutants in *Ps.aeruginosa*). García-Quintana, H.G.; Wilckens, R. Inst. Microbiología. Proy. RSM-80-16. Dir. Invest. Universidad Austral de Chile. Valdivia.

La piocinogenia es la capacidad de producir toxinas bacterianas llamadas piocinas. Se presenta en algunas cepas de *Ps.aeruginosa* que poseen en su genoma la información para codificar las proteínas que conforman la toxina. Mediante la producción de piocina una cepa "matadora" ejerce un efecto letal sobre cepas sensibles y de esta forma puede apropiarse de un habitat. El mecanismo de acción letal de las piocinas aún no está esclarecido.

Nosotros hemos elegido como vía de aproximación del problema, el aislamiento y la caracterización de clones que son resistentes frente a la actividad de estas bacteriocinas.

Se seleccionaron 18 cepas de *Ps.aeruginosa* de tipo silvestre pertenecientes a 5 piocinotipos distintos y se cultivaron en medios restrictivos con dosis variables de piocina que fluctúan entre 2000 y 200.000 unidades activas de piocina por ml. Se aislaron numerosas colonias en las zonas de restricción y luego de caracterizarlas se seleccionaron 3 clones. En los mutantes piocina-resistentes se determinaron las curvas de supervivencia, los piocinotipos en base a la técnica de Gillies y Govan y el porcentaje de inhibición de la acción letal según la técnica cuantitativa de García-Quintana et al. Se discute el mecanismo de resistencia de estas bacterias mutantes para explicar el proceso de letalidad por bacteriocinas.

ACCION DE UN PESTICIDA CLORADO (Bayleton) SOBRE CROMOSOMAS MEIOTICOS DE *Schistocerca cancellata* (Serv) Scudder. (The Action of a chlorinated Pesticide (Bayleton) on meiotic chromosomes of *Schistocerca cancellata* (Ser.) Scudder. García, M.T. y Lafuente N. Departamento de Biología, Laboratorio de Citogenética Experimental, Universidad de Valparaíso.

El Teste de Ames y el de Micronúcleos son los más usados para probar la acción mutagénica de diferentes compuestos. Sin embargo ninguno de ellos da cuenta de importantes alteraciones de la fibra de cromatina tales como, quebres de cromátida, cromosoma, gaps, etc. Creemos que *Sch. cancellata* podría constituir un buen sistema de pruebas para este tipo de alteraciones, ya que posee un cariotipo estable, las células de la línea germinal evolucionan en quistes, y finalmente por tratarse de una especie de amplia distribución que incluye zonas agrícolas, podría constituir un buen sistema de detección de mutagénesis ambiental. Dado que muchas veces el uso de pesticidas es indiscriminado en regiones agrícolas de nuestro país; hemos querido probar la acción de un pesticida clorado (Bayleton) sobre cromosomas meióticos de machos adultos de *Sch. cancellata*. Se usó en dosis de 0.01 mg/gr. p.c. por 24, 48, 72 y 96 hrs. de tratamiento. Los aplastados se hicieron en orceína aceto-láctica. En este trabajo se analizan y discuten las alteraciones encontradas en el estado de diploteno con respecto al Test de Ames y Micronúcleos para el mismo compuesto.

ESTUDIO MUTAGENICO DEL CITRATO DE PIPERACINA NITROSADA Y NO NITROSADA EN *DROSOPHILA MELANOCASTER*. (Mutagenicity studies of piperazine and nitrosopiperazine -- citrate in *Drosophila melanogaster*). Casas M.I. Dpto. de Radiobiología I.N.I.N. México, D.F.

Estudios en hígado de ratas indican la formación de un carcinógeno a partir de la nitrosación de la piperacina, la cual no nitrosada fue estudiada en *E.Coli* y *S. typhimurium*, reportándose que no tenía efecto mutagénico.

En este trabajo, se realizan pruebas genéticas de pérdida del cromosoma X, no disyunción y letales recesivos ligados al X, en 7 grupos. La nitrosación de la piperacina se obtuvo, añadiendo a una sol. de sacarosa al 10% con c. de piperacina, nitrito sódico al 0.2% y ac. acético al 0.3%. Para el c. de piperacina nitrosada la dosis LD<sub>50</sub> fue 6.8 X 10<sup>-2</sup> M. y la MTD -- 2.6 X 10<sup>-2</sup> M. La droga se administró por vía oral, durante 24 horas a 150 ♂ para cada grupo. La cruzada empleada fue: ♀♀ y<sup>2</sup>wa/y<sup>2</sup>wa; e/e X ♂♂ X<sup>c2</sup>y<sup>+</sup>/B<sup>S</sup>Yy+, analizándose los estadios de espermatozoides, espermátidas, espermatoцитos larivos y 2<sup>arios</sup>, mediante el método de progenies 2-3-2 días. En el grupo testigo, la frecuencia de pérdida del X fue 1.71% y la de no disyunción en ♂♂ y♀♀, 0.28% y 0.38% respectivamente. El q. de piperacina no nitrosada, a la dosis 2.6 X 10<sup>-3</sup> M., produce aumento significativo (P < 0.001), de no disyunción y pérdida del X, especialmente en espermatoцитos larivos, no encontrándose diferencias significativas para letales recesivos. El c. de piperacina nitrosada, produce, aumento significativo (P < 0.001), en la frecuencia de letales recesivos y pérdida del X, a bajas dosis. A dosis altas, sólo se observan diferencias significativas (P < 0.001) para pérdida del X y no disyunción en espermatoцитos larivos. Se concluye, que el c. de piperacina nitrosada produce un daño genético mucho mayor que el no nitrosada.

UN CASO DE PSEUDOTHERMAFRODITISMO MASCULINO DEBIDO A HIPOPLASIA DE CELULAS DE LEYDIG. Giraldo A.<sup>1</sup> Tafurt C.<sup>2</sup> y Buitrago B.<sup>3</sup> 1 Grupo de Genética y 3 Grupo de Patología, Instituto Nacional de Salud. 2 Laboratorio de Endocrinología, Hospital Militar Central, Bogotá.

Se presenta un paciente de 18 años con genitales externos femeninos, falta de desarrollo sexual y cariotipo 46, XY.

Los niveles séricos de Hormonas Folículo Estimulante (FSH) y Hormona Luteinizante (LH) se encontraron elevados. Los de Testosterona se encontraron bajos y disminuyeron después de la administración de Dexametasona y Gonadotropina Coriónica Humana (HCG).

A la laparotomía no se encontró útero ni otras estructuras Mullerianas, pero sí se descubrieron testículos bilaterales. Los cortes histopatológicos de ambos testículos mostraron muy pocas células de Leydig de morfología atípica.

Se discute el diagnóstico diferencial de esta entidad de la cual existen pocas referencias en la literatura.

INVERSION PERICENTRICA DEL CROMOSOMA 1 EN TRES HERMANOS ESTERILES. Giraldo A.<sup>1</sup> Silva E.<sup>1</sup> Martínez I.<sup>1</sup> Campos C.<sup>1</sup> y Guzmán J.<sup>2</sup> 1 Grupo de Genética, Instituto Nacional de Salud. 2 Sección de Urología, Hospital Militar Central, Bogotá.

Se encontró una inversión pericéntrica del cromosoma 1 en tres hermanos fenotípicamente normales. El caso índice consultó por azoospermia. Uno de los hermanos es azoospermico y el otro es severamente oligozoospermico. Las bandas G indicaron que los puntos de ruptura están en p13, q25.

Se discute la relación entre la inversión que presentan los pacientes y la esterilidad. Se compara con dos casos descritos en la literatura entre esterilidad y portadores de translocaciones balanceadas.

LOCALIZACION DE HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA EN LOS CROMOSOMAS MITOTICOS Y MEIOTICOS DE CERATITIS CAPITATA. (C-heterochromatin localization in mitotic and meiotic chromosomes of *C. capitata*). Gonzalez, G. P. y Solari, A.J., Centro Invest. Reproducción, Fac. Medicina, Buenos Aires.

Los datos previamente recolectados acerca de las translocaciones entre autosomas en *C. capitata*, hacen conveniente conocer la distribución de heterocromatina C en esta especie, con el fin de relacionar los puntos de ruptura con los bloques C+. Se desarrolló una técnica de extendidos para cromosomas de neuroblastos y de células testiculares, que permite obtener números adecuados de células adheridas a portaobjetos, las cuales fueron procesadas por la técnica de Sumner para banda C con hidróxido de bario. En los cromosomas de neuroblastos los autosomas muestran exclusivamente una banda pericentromérica de 0,5 a 0,7 micrones de largo, que facilita la identificación de cada autosoma. El cromosoma X presenta la región pericentromérica y el brazo corto fuertemente heterocromáticos y dos bandas tenues en el brazo largo. El cromosoma Y presenta dos bandas C, una pericentromérica y otra distal en el brazo largo. En las divisiones meióticas se observa que las zonas pseudoquiasmáticas contienen las bandas C, de lo cual se deduce que estas aparentes configuraciones quiasmáticas son producidas por la repulsión centromérica con brazos somáticamente apareados, no existiendo base estructural para afirmar la existencia de recombinación meiótica en el macho en esta especie.

MÉTODOS CUANTITATIVOS PARA EL ANÁLISIS DE COLECTAS DE *DROSOPHILA*. (Quantitative methods for *Drosophila* collection analysis). Guiñez, R. Depto. de Biología y Tecnología del Mar, Universidad Católica de Chile, Sede Regional Talcahuano.

Tanto el Genético de Poblaciones con intereses de Campo, como el Genético-Ecológico disponen de datos faunísticos de sus colectas, los que contienen valiosa información de la Estructura de las Poblaciones y sus Propiedades. Se proponen algunos Métodos de Análisis de estas propiedades.

Se analizan unos datos de Colectas (clasificados por Altitud y Mes de muestreo) obtenidos en el cerro "La Campana" (Chile), entre Marzo y Julio de 1978, en un transecto altitudinal. Con un total de 3290 individuos determinados, pertenecientes a 7 especies del género *Drosophila*.

Se aplicaron los Métodos de Análisis de Diversidad y del Nicho. Mediante los índices de: diversidad corregido (H), equitabilidad (J), rarefacción, amplitud del nicho (B); y análisis multivariado del número efectivo de especies (exp H). Las altitudes intermedias, Marzo y Julio muestran un mayor H. J no está correlacionado con H ( $r = 0.36$ ) significativamente. El componente altitud es de mayor importancia que meses. La "simulans" y "araucana" presentan los mayores valores de B (0.59 y .7). El agrupamiento de especies usando la sobreposición del nicho como similitud, segrega dos grupos: Ampliamente distribuidas y Endémicas. Se discuten los resultados en su contexto poblacional, restricciones metodológicas y otros Métodos de Análisis.

DETERMINACION DEL POTENCIAL MUTAGENICO DE LA DROGA ANTIPARASITARIA BEFENIO EN DROSOPHILA. Determination of mutagenic potential effect of antiparasitary drug befenie in *Drosophila*. j. guzmán, m.e.de la rosa y c. cortinas. I.N.I.N. U.N.A.M.

La contaminación del medio se ha incrementado con la gran variedad de productos usados o generados en la agricultura, la medicina y la industria. Algunos de ellos afectan el material genético de células germinales conduciendo a un aumento en la carga genética de la nueva generación, o de células somáticas originando la carcinogénesis.

Para evaluar la capacidad mutagénica de medicamentos antiparasitarios utilizados en nuestro país, se originó un proyecto que incluye diferentes compuestos entre ellos al befenio, ampliamente utilizado en tratamiento de parasitosis intestinales.

Se utilizaron hembras vírgenes de *D.melanogaster* con los marcadores  $y^w/y^2w^a$ ; e/e y se cruzaron con machos de la línea  $X^{c2yB/sc^8Y}$ . Se formaron cinco grupos (Testigo, hembras alimentadas con una solución de sacarosa, hembras alimentadas con una solución de sacarosa y befenio al 0.01%, machos alimentados con solución de sacarosa, y machos alimentados con solución de sacarosa y befenio al 0.01%). La cruce se llevó hasta F2 para detectar la No-disyunción y la pérdida del cromosoma X en la F1, así como la frecuencia de letales recesivos ligados al sexo en la F2.

Los resultados obtenidos demostraron que la proge nie tanto de las hembras como de los machos tratados disminuyó significativamente y la frecuencia de letales recesivos así como la de individuos estériles se elevó. También fue significativo el incremento en la pérdida del cromosoma X en los machos tratados.

El daño genético observado en *D.melanogaster* indica que el uso del befenio representa un riesgo.

QUISTE DE BAKER FAMILIAR. (Familial Baker cyst). Hernández, A. Aguirre-Negrete, M.G. Nazará, Z. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Se estudiaron dos miembros de una familia Mexicana que presentaron tumoración quística unilateral en el hueso popliteo.

La proposita de 9 años de edad fue producto de la la. gestación a término sin complicaciones y parto normal. Desde los 6 años de edad presentó tumoración pequeña redondeada, ubicada en hueso popliteo derecho, inicialmente indolora, que incrementó su volumen progresivamente. Un hermano de 7 años de edad presentó datos clínicos similares. Los estudios radiológicos con medio de contraste hidrosoluble inyectado en la articulación de la rodilla, revelaron en ambos pacientes distribución anómala del medio de contraste debida a una dilatación posterior del espacio sinovial, lo que confirma el diagnóstico de quiste de Baker, el cual fue extirpado quirúrgicamente.

El análisis genealógico comparativo de esta familia con otra reportada previamente en la literatura, sugiere herencia autosómica dominante con penetrancia reducida.

ESTUDIO COMPARATIVO DEL ADN DE TRES ESPECIES DE DIDELPHIDAE (MARSUPIALIA). (Comparative study on the DNA of three species of Didelphidae, Marsupialia). Heguy, A.; Musto, H. y Wettstein, R. División Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay.

La información disponible sobre el ADN de los marsupiales es casi nula, y se restringe a una sola especie australiana, a pesar de que el grupo ha sido bien estudiado desde el punto de vista citogenético.

Se presenta información sobre el ADN de tres de las cuatro especies de marsupiales del Uruguay: *Didelphis albiventris*, *Lutreolina crassicaudata* y *Monodelphis dimidiata*. La ultracentrifugación analítica (UA) en gradientes de CsCl neutro muestra un pico único simétrico (1.697 g/cc; 37.75 % GC) en las tres especies. La UA en gradientes de  $Cs_2SO_4 + Hg^{++}$  muestra también un pico único simétrico en las tres especies. La ultracentrifugación preparativa (UP) en gradientes de CsCl usando varios intercalantes, seguida de hibridización con ARNr<sup>H</sup>, muestra un único pico de hibridización sobre el pico principal de la UP. El ADN total de las tres especies fue digerido con 11 endonucleasas de restricción (ER): Alu I, Bam HI, Bgl II, Eco RI, Hae III, Hha I, Hind III, Kpn I, Sal I, Sac I y Taq I. En *D. albiventris* aparecen bandas con Bgl II, Sac I y Taq I; en *L. crassicaudata* con Bgl II, Hae III, Sal I y Taq I, y en *M. dimidiata* con Eco RI, Hae III y Taq I. Se hicieron digestiones combinadas con las ER que dieron bandas en *L. crassicaudata* y en *M. dimidiata*; no se obtuvieron sub-bandas en ningún caso. La transferencia del ADN de los geles a filtros de nitrocelulosa por la técnica de Southern (1976), seguida por hibridización con ARNr<sup>32P</sup> demuestra que el ADN repetido de las bandas no se relaciona con el ARNr 18 y 28s, a excepción de una banda de Hae III en *M. dimidiata*.

\* Apoyado por PRDC y T de OEA y ME y C (Uruguay).

DENOPREDEC: UN SISTEMA PARA LA DETECCION, NOSONOMIA Y PREVENCIÓN DE DEFECTOS CONGENITOS. (DENOPREDEC: A system for the detection, nosonomy and prevention of birth defects). Hernández, A. Aguirre-Negrete, M.G. Nazará, Z. Martínez-Martínez, C. Maldonado, E. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Se diseñó un sistema para detectar, clasificar y prevenir defectos congénitos (DC). Los resultados del estudio en 24,766 recién nacidos consecutivos mostraron una incidencia de 14.1 por 1000 nacidos vivos. De 275 casos con DC, en 269 de ellos se pudo establecer un diagnóstico preciso sobre bases clínicas, correspondiendo a 75 entidades nosológicas diferentes de las cuales el 52% correspondieron a hereditarias mendelianas, el 14.54% cromosómicas, el 29.82% multifactoriales, el 1.45% ambientales y en el 2.19% criptogénicas. Solamente en 8 entidades nosológicas para enfermedades autosómicas dominantes (AD), 3 para autosómicas recesivas (AR) y 1 para recesivas ligadas al X (RLX), fue confirmado a través del análisis familiar el modo de herencia. El problema de la heterogeneidad genética existente en 31 de las entidades nosológicas observadas se intentó resolver basándose en el análisis fenotípico diferencial considerando una enfermedad como genética AD, AR y RLX cuando la clínica coincidía con entidades incluídas en los grupos etiopatogénicos descritos en la quinta edición del catálogo de McKusick. El 81.8% de los DC analizados presentaron algún tipo o combinación de deficiencia física y/o mental. La disponibilidad de estos conocimientos permitió definir grupos de alto riesgo en la población y facilitó la prevención mediante asesoramiento genético.

ABERRACIONES CROMOSOMICAS EN 111 PAREJAS CON ABORTO HABITUAL. (Chromosomal aberrations in 111 couples with habitual abortion). Hernández, A. Dávila, I.G., Jiménez-Sáinz, M. Moller, M. Plascencia, M.L. Rolón, A. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Se estudió citogenéticamente a 108 mujeres y 105 varones de 111 parejas que presentaron dos o más abortos consecutivos con el propósito de conocer la participación de las aberraciones cromosómicas en la etiología del aborto habitual. Los resultados mostraron una frecuencia de 10.31% de cariotipos anormales, cuatro de los cuales fueron por anomalías estructurales (1.86%), dos translocaciones balanceadas: 46, XX,t(2;5)(q21;q35) y 46,XY,t(1;13)(p36;q22), y dos inversiones pericéntricas: 46,XX,inv per(B) y 46,XY,inv per(11). Otras cuatro fueron mosaicismos (1.86%): dos 45,X/46,XX, 46,XX/47,XXX y 46,XX/47,XX,+mar; y 14 polimorfismos cromosómicos (6.57%). Sólo en 8 de las 111 parejas se consideró que la anomalía cromosómica tuvo relación etiopatogénica con los abortos. Esto representa el 7% de todas las parejas y es similar a lo encontrado por otros autores, se corrobora así la utilidad de la citogenética en el estudio del aborto habitual, que adquiere una importancia capital en aquellos casos de translocaciones balanceadas cuya segregación implica riesgos altos de gametos desbalanceados y por ende no sólo de abortos, sino de productos con malformaciones congénitas múltiples y retardo mental. Estas parejas serían ampliamente beneficiadas con el diagnóstico prenatal.

SINDROME DE ENVEJECIMIENTO PREMATURO. Herrera V. J., Abodowski N., Vivanco X, Uriarte M., Depto. de Genética y Endocrinología Infantil. Hospital San Juan de Dios. Santiago.

Los síndromes de envejecimiento prematuro son cuadros genéticos con carácter hereditario autosómico recesivo que presentan, desde los primeros años de vida, un envejecimiento sui-generis, con acortamiento del promedio de vida y alteraciones de los diferentes tejidos.

Se presentan dos familias, cada una con dos hermanos afectados. En una de ellas, la signología inclina hacia un Werner y en la otra familia hacia un progeria. Se discute el diagnóstico diferencial y posible etiología.

HERENCIA DE LA RESISTENCIA DEL FREJOL (*Phaseolus vulgaris* L.) A UNA RAZA NECROTICA DEL MOSAICO COMUN DEL FREJOL (*Phaseolus virus 1*) PRESENTE EN CHILE. (Inheritance of the resistance in beans (*Phaseolus vulgaris* L.) to a necrotic race of Bean Common Mosaic Virus (*Phaseolus virus 1*) present in Chile. Herrera, G.T. y Alvarez, M. Programa de Leguminosas de Grano, Estación Experimental La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias.

Con el propósito de entregar antecedentes básicos para programas de mejoramiento en frejol se determinó el tipo de herencia y el número de genes que confieren la resistencia en las variedades Amanda y Great Northern 31 (GN 31) contra la raza necrótica del mosaico común del frejol presente en Chile.

El material empleado consistió en las generaciones F1, F2 y R1 de cruzamientos entre la variedad nacional susceptible Cristal Bayo y las extranjeras resistentes Amanda y GN 31.

La generación F1 del cruzamiento Amanda x C. Bayo resultó susceptible, y la F2 presentó una proporción de 3 susceptibles: 1 resistente.

La generación F1 del cruzamiento GN 31 x C. Bayo resultó susceptible, la F2 presentó una proporción de 15 susceptible: 1 resistente y la R1 una proporción de 3 susceptible: 1 resistente.

Las proporciones obtenidas han permitido concluir que el carácter resistencia en la variedad Amanda está controlada por un gen recesivo y en la variedad Great Northern 31 por dos genes recesivos complementarios.

TALASEMIA Y O ALTERACIONES EN EL PROCESO DE ACTIVACION-CESACION DE LOS GENES  $\beta$ - $\gamma$  DE HEMOGLOBINA EN UNA MUESTRA DE RECIEN NACIDOS. REPORTE PRELIMINAR. (y thalassemia or alterations in the  $\beta$ - $\gamma$  hemoglobin switching in newborns. Preliminary report). Ibarra, B. Hurtado, M. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Se presentan los resultados parciales de un proyecto de investigación encaminado a conocer las alteraciones de la hemoglobina (Hb) en recién nacidos, utilizando electroforesis en agarosa y análisis cromatográfico para la detección de variantes de cadenas  $\gamma$ , HbS y HbC. En las primeras 1,000 muestras no se ha detectado ninguna variante estructural excepto un portador para HbS que confirma hallazgos previos de nuestro grupo en población adulta del noroccidente de México. Sin embargo, se encontraron 11 muestras con proporciones elevadas de HbA (aproximadamente 50%) y una muestra con patrón electroforético semejante al adulto normal ( $\sim 10\%$  HbF,  $\sim 1\%$  HbA<sub>2</sub>,  $\sim 90\%$  HbA y una banda anhídrida carbónica). Estos resultados son explicables si se asume que los 11 individuos con proporciones de 50% de HbA son heterocigotos para una deficiencia en la síntesis de cadenas  $\gamma^G$ , es decir, para talasemia  $\gamma^G$ , cuya demostración sería el hallazgo de un desequilibrio de la relación de cadenas  $\alpha$ /no- $\alpha$ , y la identificación y cuantificación de  $\gamma^G$  y  $\gamma^A$ ; el individuo con 90% de HbA<sub>2</sub> sería entonces homocigoto para talasemia  $\gamma^G$ . Otra explicación podría basarse en un trastorno de la activación-cesación de los genes  $\beta$ - $\gamma$  que diera lugar a la síntesis precoz de HbA. Independientemente de la confirmación de una u otra hipótesis, nuestros hallazgos abren un campo nuevo de estudio en la genética molecular de las Hbs.



EL SISTEMA DEL GLUCONATO EN *E. coli*. EVIDENCIAS FISIOLÓGICAS Y GENÉTICAS PARA LA POSIBLE PRESENCIA DE UN NUEVO REGULADOR. (The gluconate system in *E. coli*. Physiological and genetics evidences for the possible presence of a new regulator). Istúriz, T. y Vitelli-Flores, J. Grupo de Fisiología y Genética de Microorganismos, Dpto. de Biología Celular, Esc. de Biología, Fac. de Ciencias, Universidad Central de Venezuela.

Evidencias experimentales han sugerido la presencia en *E. coli* de dos sistemas diferentemente regulados que duplican actividades para el metabolismo inicial del gluconato. Estos sistemas, que codifican para actividades de transporte y gluconoquinasa (incorporan y fosforilan gluconato) han sido mapeados en los minutos 75 y 96 del mapa cromosómico. Otras evidencias han mostrado que el sistema del minuto 75 está controlado negativamente por el producto del gen regulador *gntR*, mapeado en la misma región. Se desconoce la relación de expresión que debe existir entre ambos sistemas durante la utilización de gluconato por *E. coli*.

Por lisogenización de una cepa de *E. coli* con el fago lambda, hemos obtenido una mutante incapaz de utilizar gluconato. La caracterización genética y fisiológica de esta mutante, mostró que su fenotipo se debía a dos lesiones localizadas en las regiones antes señaladas, las cuales conducían a la falta de expresión de la gluconoquinasa y de la dehidrasa. Las dos mutaciones se transfirieron mediante transducción con el fago  $\lambda$ , a cepas de *E. coli* para su estudio por separado.

Se presentan evidencias fisiológicas y genéticas que sugieren que la mutación del minuto 75 afecte un posible locus, no descrito previamente, implicado en la regulación del sistema ubicado en esta región.

IDENTIFICACION CITOGENETICA DE CROMOSOMAS SEXUALES EN EUPSOPHUS (AMPHIBIA-LEPTODACTYLIDAE). (Cytogenetics identification of sex chromosomes in *Eupsophus* (Amphibia-Leptodactylidae)). Iturra, P. Unidad de Biología de Vertebrados. Depto. Biol. Cel. y Gen. Fac. Medicina. U. de Chile. Casilla 6556-7. Stgo.

*Eupsophus roseus* y *E. miguéli* son especies genéticamente relacionadas que presentan un cariotipo similar  $2n=30$  con gran número de pares telocéntricos. Recientemente hemos determinado que los machos de *E. miguéli* tienen un cromosoma metacéntrico (m) pequeño (NF=45) ausente en las hembras (NF=44). Esto nos ha permitido sugerir la existencia de un mecanismo cromosómico de determinación del sexo XY/XX. En *E. roseus* no hay evidencias de diferencias cromosómicas entre sexos (NF=46).

Con el objeto de identificar el par de heterocromosomas en *E. miguéli* y determinar en *E. roseus* la existencia de un posible sistema cromosómico de determinación del sexo hemos iniciado un estudio del cariotipo y de la meiosis de ambas especies. En esta comunicación damos a conocer los resultados obtenidos con bandeado C en cromosomas de intestino y testículo.

La distribución de la heterocromatina constitutiva es similar en ambos cariotipos: centromérica y además telomérica en los 3 pares grandes. En 3 machos de *E. miguéli* se caracteriza el cromosoma m (Y) por una débil banda C. En *E. roseus* hay 2 pares de cromosomas pequeños con diferente intensidad de tinción entre los homólogos.

Proy. N9228025 SDCACI. Universidad de Chile.

IDENTIFICACION CITOGENETICA DE CROMOSOMAS SEXUALES EN EUPSOPHUS (AMPHIBIA-LEPTODACTYLIDAE). (Cytogenetics identification of sex chromosomes in *Eupsophus* (Amphibia-Leptodactylidae)). Iturra, P. Unidad de Biología de Vertebrados. Dpto. Biología Celular y Genética Facultad de Medicina. Universidad de Chile. Casilla 6556-7 Santiago.

*Eupsophus roseus* y *E. miguéli* son especies genéticamente relacionadas que presentan un cariotipo similar  $2N=30$  con gran número de pares telocéntricos. Recientemente hemos determinado que los machos de *E. miguéli* tienen un cromosoma metacéntrico (m) pequeño (NF=45) ausente en las hembras (NF=44). Esto nos ha permitido sugerir la existencia de un mecanismo cromosómico de determinación del sexo XY/XX. En *E. roseus* no hay evidencias de diferencias cromosómicas entre sexos (NF=46).

Con el objeto de identificar el par de heterocromosomas en *E. miguéli* y determinar en *E. roseus* la existencia de un posible sistema cromosómico de determinación del sexo hemos iniciado un estudio del cariotipo y de la meiosis de ambas especies. En esta comunicación damos a conocer los resultados obtenidos con bandeado C en cromosomas de intestino y testículo.

La distribución de la heterocromatina constitutiva es similar en ambos cariotipos: centromérica y además telomérica en los 3 pares grandes. En 3 machos de *E. miguéli* se caracteriza el cromosoma m (Y) por una débil banda C. En *E. roseus* hay 2 pares de cromosomas pequeños con diferente intensidad de tinción entre los homólogos. (Proy. N9228025 SDCACI U. Chile.

HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA E REGIÕES ORGANIZADORAS DE NUCLEÓLOS EM *Tropidurus torquatus* (Sauria, Iguanidae). (Constitutive heterochromatin and nucleolus organizer regions in *Tropidurus torquatus* (Sauria, Iguanidae)). Kasahara, Sanae\*, Yonenaga-Yassuda, Yatiyo\*\* e Schincariol, Rosaine\*. \*Instituto de Biociências, UNESP, C.P. 178, 13500 Rio Claro, SP, Brasil; \*\* Instituto de Biociências, USP, São Paulo, SP, Brasil.

Um estudo sobre a diferenciação geográfica e ecologia do lagarto *Tropidurus torquatus* está sendo realizado por M.T. Rodrigues, do Museu de Zoologia da USP. Com o objetivo de contribuir para a citotaxonomia do grupo, foram efetuadas análises preliminares dos cariótipos de animais de diferentes localidades do Brasil, com a aplicação de técnicas de bandas G e C e de localização de regiões organizadoras de nucleólos (RONs). Todos os exemplares apresentaram  $2n = 36$  com 12 macro e 24 microcromossomos. A heterocromatina constitutiva está, em geral, restrita às regiões pericentroméricas dos maiores microcromossomos mas observamos, em alguns exemplares, banda C em um par de macrocromossomos. Um par de microcromossomos apresenta região organizadora de nucleólo bem evidente; além disso, foi observada uma marcação menos freqüente na região telomérica de um submetacêntrico médio. A heterocromatina constitutiva dos microcromossomos também parece se corar pela prata mas a marcação não é típica de RON.

(CNPq-Proc. 40.0495/80)

SELECCION DE RATAS HIPER-REACTORAS AL STRESS Y CON DISMINUCION DE TOLERANCIA A LA GLUCOSA. (Selection of hyperresponsive rats to stress and with diminished glucose tolerance). Kawada, M.E. y Vargas, L., P. Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

En la investigación de factores ambientales y hormonales que influyen en la diabetogénesis es importante un modelo que, sin tener diabetes, presente disminución de la tolerancia a la glucosa ("diabetes química") y posea predisposición genética a dicho trastorno.

Ratas Sprague-Dawley se multiplicaron por "inbreeding" hasta la 7ª generación. Los indicadores de "diabetes química" empleados para la selección de los progenitores fueron: a) hiper-respuesta glucémica y glucosúrica al stress de inmovilización (60 min.) y b) disminución de la tolerancia oral a la glucosa (200 mg/100 g rata, solución al 40%). Las glucemias se determinaron por glucosa oxidasa en una microgota obtenida por sección de la punta de la cola; la glucosuria por la determinación de la concentración de la glucosa (mg%) mediante Glucocinta aplicada a una gota de orina.

En la generación F<sub>2</sub> se produjo malformación ocular (anoftalmia bilateral) que se ha transmitido con variaciones (anoftalmia unilateral, microftalmia unilateral y combinación entre ambas). A partir de F<sub>3</sub> se observó hiper-respuesta de la glucemia al stress y tolerancia disminuída a la glucosa con excepcional tendencia a la glucosuria (ausente en las ratas normales) cuya frecuencia en promedio ha sido del 77% para las con malformación ocular y del 41% para las sin malformación. Esta glucosuria ha estado presente aún con niveles de glucemia significativamente inferiores a los del umbral renal de la glucosa.

ESTUDIO DE LA HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA EN NEOPLASIAS. (Constitutive heterochromatin study in neoplasias) Labal de Vinuesa Mabel, Slavutsky I., Larripa I., Brioux de Salum S. Academia Nacional de Medicina. Argentina.

Recientes estudios han descrito una mayor incidencia de variaciones de la heterocromatina constitutiva en pacientes con neoplasias que en individuos normales.

En este trabajo se efectuó el análisis del heteromorfismo cromosómico en pacientes con desordenes hematológicos (Preleucemias, leucemias, linfomas) y tumores de mama.

Se realizó el estudio en cultivo de linfocitos de sangre periférica con técnica de bandeado C en 40 controles y 80 pacientes, valorándose en cada caso los cromosomas 1, 9 y 16.

Quando se comparó el número total de variaciones observadas, se encontró una mayor incidencia de las mismas en la población neoplásica, no detectándose diferencias entre tumor de mama y neoplasias hematológicas. Es de destacar la alta frecuencia de variaciones del cromosoma 1 en el grupo de pacientes analizados. Ambas diferencias fueron estadísticamente significativas.

El hallazgo de aumento del heteromorfismo en bandas C tanto en neoplasias hematológicas como tumores sólidos sustentaría la hipótesis que establece una relación entre dicho incremento y la predisposición a desarrollar cáncer.

Estas variaciones de la heterocromatina constitutiva podrían desproteger zonas eucromáticas de las agresiones producidas por agentes externos.

DERMATOGLIFOS DIGITO-PALMARES EN VITILIGO (Palm and fingerprints in vitiligo). Kolski, R.; Oyhenart, M. y Salvat, G. Depto. de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, Montevideo, Uruguay.

Se estudiaron los dermatoglifos digitales y palmares de una muestra de pacientes de vitiligo constituida por 19 varones y 24 mujeres, de tres Clínicas Dermatológicas de la ciudad de Montevideo, (Uruguay).

Se analizó la frecuencia de diseños digitales, el T.R.C., la frecuencia total de diseños palmares, el ángulo máximo atd y el número de líneas a-b. Se compararon los resultados de la muestra con controles respectivos de la misma población, por medio de tests estadísticos.

De las comparaciones realizadas, las siguientes arrojaron diferencias significativas: 1) La distribución de diseños digitales en mano derecha y ambas manos de varones, observándose una disminución del número de verticilos y un aumento de arcos; 2) la distribución de figuras digitales en manos derecha, izquierda y ambas manos de mujeres, apareciendo un aumento de verticilos y una disminución de los restantes diseños; 3) el ángulo máximo atd tiende a aumentar en todos los casos, alcanzando este aumento significancia estadística en ambas manos conjuntamente.

ORGANIZACION SUPRACROMOSOMICA: RAZONAMIENTO CITOGENETICO Y PRUEBAS EXPERIMENTALES. (Suprachromosomal organization: Cytogenetical rationale and experimental data) Lacadena, J.R. (1); Jódar, E. (2) y Ferrer, E. (3) (1) Dpto. Genética, Fac. Biología, Univ. Complutense, Madrid, (2) Dpto. Genética, Instituto de Investigaciones Agrarias, Madrid, (3) Dpto. Genética Fac. Ciencias, Univ. Alcalá de Henares, Madrid.

Existen numerosos ejemplos, tanto en procariontes como en eucariontes, sobre la existencia de una relación entre determinadas funciones genéticas y la localización sobre el genoma de los organismos de los genes correspondientes. El estudio de la existencia de una organización supracromosómica -es decir, la posición u ordenación no al azar de los cromosomas en el núcleo eucariótico- puede ser abordado experimentalmente a dos niveles: como asociación somática de cromosomas homólogos y homeólogos y como disposición relativa de los cromosomas del complemento haploide.

Se presentan datos experimentales tanto en material vegetal (Crepis sp.) como animal (saltamontes, Euchorthippus pulvinatus gallicus). Del análisis de placas radiales tanto en metafases somáticas como meióticas se deduce la probable existencia de una organización supracromosómica.

**SINDROME DE MULTIPLES LIPOMAS, HEMANGIOMAS Y MACROCEFALIA: UNA EXPRESION DE NEUROFIBROMATOSIS?** Syndrome of multiple lipomas, hemangiomas and macrocephaly: an expression of neurofibromatosis? Lacassie, Y. Unidad de Genética, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, Santiago.

La heterogeneidad genética, el efecto pleiotrópico de los genes y la expresividad variable de las afecciones genéticas constituyen algunos de los problemas fundamentales de la genética clínica actual. Si bien la conducta habitual del genetista está orientada a identificar y separar (splitting) afecciones diferentes, es igualmente importante el reagrupar (lumping) afecciones sólo en apariencia diferentes.

En 1975, Zonana, Davis y Rimoin describieron una familia con múltiples lipomas, hemangiomas y macrocefalia, con herencia aparentemente autosómica dominante y que parecía representar un nuevo síndrome (Am.J.Hum.Genet. 27:97A, 1975).

El estudio de una lactante con macrocefalia, hemangioma, múltiples lipomas, alteraciones pigmentarias y linfedema congénito con hipertrofia de genitales externos y extremidades inferiores nos hizo plantear ese diagnóstico diferencial junto a una neurofibromatosis. El estudio histopatológico de tumores intracanaliculares extradurales fue consistente con una neurofibromatosis. Este caso permite plantear que el síndrome descrito por Zonana y cols, no sería sino una forma de expresión de la neurofibromatosis (lumping).

#### ESTUDIO GENETICO DE LA SORDERA EN VALPARAISO.

(Genetic study of deafness in Valparaíso). Lazo, B., Valdenebro, J., Campusano, C., Figueroa, H., y Villarreal, H. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso.

Los estudios genéticos de la sordera señalan la heterogeneidad de patrones hereditarios lo que dificulta conocer frecuencias de afectados y portadores. En Chile, las investigaciones son escasas y no permiten hacer generalizaciones al respecto. Esta comunicación es un aporte al conocimiento de los mecanismos de transmisión hereditarios en sordos de Valparaíso y un intento preliminar de estimar frecuencias génicas y genotípicas.

Los datos provienen de la Sección Sordos de la Escuela N° 258 de Valparaíso y corresponden al total de los 96 niños sordos matriculados entre 1978 y 1981. Aplicando una metodología específica (Valdenebro y cols., 1980), se determinaron 21 sordos hereditarios, en los cuales se analizaron genealogías considerando tres y más generaciones. Las estimas de las frecuencias génicas y genotípicas se calcularon a base de dos condiciones:

- 20% de sordos hereditarios dentro de 7 por mil sordos profundos (Duclos, 1966); b) los patrones hereditarios se reducen a uno: autosómico recesivo.

Las genealogías estudiadas indican, en general, mecanismos hereditarios autosómicos recesivos y dominantes con expresividad variable. Además se presenta un caso en que hay síndrome de Lobstein Van Der Hoeve. Según las estimas habrían 0,14% de sordos hereditarios y 7,20% de portadores en la población de Valparaíso.

**VARIACION CROMOSOMICA LATITUDINAL EN *Liolaemus monticola* (IGUANIDAE).** (Latitudinal chromosomal variation in *Liolaemus monticola* (Iguanidae)). Lambrot, M., Alvarez, E. y Espinoza, A. Lab. de Citogenética Depto. de Biología, Fac. de Cs. Básicas y Farmacéuticas. Universidad de Chile.

El patrón de variabilidad cariotípica encontrada en *Liolaemus* y en especial en *L. monticola* es muy similar al existente en géneros muy diferentes como *Anolis* y *Sceloporus*.

*Liolaemus monticola* especie endémica, montañosa y variable, se distribuye a lo largo de los Andes en Chile y cordillera de la costa a alturas entre 1000 y 2000 metros.

Se presentan los cariotipos obtenidos por métodos convencionales de diversas poblaciones para 3 subespecies comprendidas entre 30° a 40° de latitud Sur.

*L.m. villaricensis* y *L.m. chillanensis* retienen un 2n relativamente conservativo de 32 cromosomas (12 macro y 20 microcromosomas). *L.m. monticola* con un 2n entre 32 y 40 cromosomas difiere notablemente de las anteriores por un aumento en los números de macro y microcromosomas y por cambios en la morfología de estos, incluyendo la presencia de poblaciones con polimorfismo para translocaciones y fisiones. Estos cambios pueden ser explicados por reordenamientos cromosómicos independientes como: fisiones céntricas, inversiones pericéntricas, translocaciones simples y otras.

*Liolaemus monticola* presenta un gradiente latitudinal de cambios cromosómicos que incluyen polimorfismos. Se discute la importancia de estos cambios en la diferenciación de estas poblaciones.

**MISCEGENACION ETNICA EN VALPARAISO DURANTE DOS PERIODOS DE LA COLONIA.** (Ethnic miscegenation in Valparaíso during two colonial periods). Lazo, B., Chandía, L., Campusano, C., Figueroa, H., Villarreal, H. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso.

La población chilena actual se define como mestiza debido a la cruce del español con el indio, excluyendo de esto al negro, aún cuando su aporte al proceso parece no haber sido bien ponderado. La presente comunicación estudia la miscegenación considerando el grupo negro junto con los otros grupos étnicos.

La información se obtuvo de los archivos de la Parroquia "La Matriz del Salvador", de Valparaíso y corresponde a la totalidad de los matrimonios registrados en los periodos 1686-1715 y 1735-1764. El análisis de la miscegenación se hizo según 6 grupos étnicos: españoles, indios, negros, mestizos, mulatos y zambo. Además se consideró el lugar de nacimiento y la ilegitimidad de nacimiento. Se comparó la distribución de los 321 matrimonios del primer periodo con la de los 352 matrimonios del segundo periodo.

Se observa una fuerte preferencia a las uniones intraétnicas en ambos periodos. El aumento observado de la miscegenación de 6,36% en el segundo periodo, parece estar muy influido por uniones ilegítimas interétnicas y por una alta inmigración de mestizos y mulatos. Estos resultados muestran similitud con los de otra población de la misma zona, señalados en una comunicación anterior.

MEJORAMIENTO GENETICO DE GUAYULE (*Parthenium argentatum* Gray) EN MEXICO. (Guayule genetic breeding in México). López, A. Depto. de Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro". -- Saltillo, Coahuila, México.

El guayule es una de las especies más típicas y abundantes en forma silvestre en las zonas áridas del Norte de México. Su importancia radica en que tanto en su habitat natural como bajo cultivo produce hule en cantidades económicamente importantes. Este programa se inició con 21 variedades mejoradas introducidas de U.S.A y alrededor de 3000 colecciones procedentes de poblaciones naturales de cinco diferentes localidades. Como avances importantes de este programa se consideran el desarrollo de una técnica para mejorar la germinación de la semilla de guayule, selección de materiales más adaptados al cultivo y tolerantes a pudriciones radiculares causadas entre otros patógenos por *Fusarium oxysporum*. Los análisis de hule y datos agronómicos de variedades de tres años de edad así como de algunas de las colecciones de 2 años de edad sugieren una muy amplia variabilidad en esta especie y aún dentro de las variedades introducidas. Altura y tipo de planta así como diámetro de la copa son características agronómicas que no se encontraron correlacionadas con el contenido de hule. El tipo de hoja se observó fuertemente influenciado por el ambiente, por lo que no es posible utilizarlo como indicador del contenido de hule en la planta.

Siendo el guayule una especie poliploide, apomíctica facultativa y con un sistema esporofítico de autoincompatibilidad el estudio de estas características es fundamental para mejoramiento genético. Los avances en estos aspectos se describen en el texto.

INCREMENTO DE INTERCAMBIOS ENTRE CROMATIDAS HERMANAS INDUCIDO POR EL OXIGENO. (Increase of sister-chromatid exchanges induced by oxygen). López-Sáez, J.F., y Gutiérrez, C. Instituto de Biología Celular, Velázquez, 144, Madrid-6, España.

En células meristemáticas radicales, el análisis de los intercambios (SCEs) en la segunda mitosis, después de iniciar el tratamiento con bromodesoxiuridina (BrdUrd) ha demostrado que su frecuencia es dependiente de la tensión de oxígeno a que se realiza la incubación.

En condiciones de 10 y 20 % de oxígeno el nivel de intercambios parece constante, pero a tensiones de 60 y 100 % se presenta un marcado incremento que es proporcional a la tensión de oxígeno.

El análisis detallado del fenómeno sugiere que la presencia de oxígeno incrementa esencialmente los intercambios provocados por la bromación de las cadenas de polinucleótidos, sin aparente modificación de la frecuencia basal (independiente de la incorporación de BrdUrd). Por ello, si consideramos a los intercambios como manifestación morfológica de cierto daño en el DNA, estos resultados sugieren una alta sensibilidad del genoma bromado a la tensión de oxígeno y en especial a concentraciones superiores a la existente en la atmósfera.

FRECUENCIA FENOTÍPICA DE MALATO DESIDROGENASA EN 7 ESPECIES DO GÊNERO *PLEBEIA* (ABELHA BRASILEIRA).

(Frequency of malate Dehydrogenase Phenotypes in Seven Species from the Genus *Plebeia* (Brazilian Stingless Bee). Machado, M.F.P.S. e Contel, E.P.B. Departamento de Genética, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto-USP Brasil.

Na análise de 7 espécies do gênero *Plebeia*, incluindo os subgêneros *Plebeia*, *Shwarziana* e *Friesella*, verificamos a presença de 8 fenótipos para o sistema MDH - NAD dependente em colmeias de diferentes localidades. De 48 fêmeas analisadas de *P. satyri*, provenientes dos estados de Santa Catarina, São Paulo, Paraná e Minas Gerais, observamos uma frequência de 81,25% do fenótipo que denominamos de  $MDH_1^1/MDH_1^1$  e 18,75% do fenótipo heterozigoto  $MDH_1^1/MDH_1^L$ . A análise de 46 colmeias de *P. (P.) droryana* de Minas Gerais (33 colmeias), do Paraná (5 colmeias), de São Paulo (7 colmeias) e de Santa Catarina (1 colmeia), mostrou as seguintes frequências dos fenótipos: 10,26%  $MDH_1^1/MDH_1^1$ , 53,10%  $MDH_1^1/MDH_1^L$ , 26,13%  $MDH_1^1/MDH_1^M$ , 5,25%  $MDH_1^1/MDH_1^R$  e 3,22%  $MDH_1^1/MDH_1^R$ . Da espécie *P. (Friesella) Smrottkyi* analisamos colmeias do Paraná, São Paulo e Santa Catarina e as 33 abelhas analisadas apresentaram o fenótipo  $MDH_1^1/MDH_1^1$ . Em 28 fêmeas de *P. emerina* de Santa Catarina e São Paulo, observamos o fenótipo  $MDH_1^L/MDH_1^L$  e as 28 fêmeas de *P. remota* de Santa Catarina, São Paulo e Paraná, apresentaram o fenótipo  $MDH_1^1/MDH_1^1$ . Para *P. (Shwarziana) quadripunctata* e *P. juliani* (ambas de Minas Gerais) analisamos 35 fêmeas de *quadripunctata* que apresentaram o fenótipo  $MDH_1^1/MDH_1^1$  e 30 fêmeas de *juliani* que eram  $MDH_1^1/MDH_1^1$ . As variações eletroforéticas observadas nesse gênero sugerem que o controle genético desse sistema está condicionado por 1 único locus, com pelo menos 4 alelos, e o fenótipo mais frequente no gênero é o  $MDH_1^1/MDH_1^1$ .

FAPESP - 04 biológicas 79/1479 - CNPq.

REPARACION DEL DNA DE LEVADURAS. REMOCION DE LOS PUENTES INTER-CATENARIOS INDUCIDOS POR EL TRATAMIENTO CON PSORALENO Y UV DE 365 nm. (DNA repair in yeast. Removal of the interstrans crosslinks induced after treatment with psoralen plus UV (365 nm). Magaña-Schwencke, N., Henriques, J.A.P. y Moustacchi, E. Institut Curie, Orsay, FRANCIA.

Diversos estudios de la reparación del DNA en levaduras han permitido establecer la presencia de tres vías principales de reparación en este organismo. Estas vías están controladas genéticamente por una cinquentena de genes conocidos actualmente.

La irradiación con UV de 365 nm en presencia de psoraleno induce la formación de mono adiciones y puentes entre las cadenas del DNA. Las lesiones inducidas proporcionan un excelente modelo para el estudio de los mecanismos de reparación de este tipo de daño en el DNA.

En nuestro estudio, hemos tratado de establecer las diferentes etapas bioquímicas de dicha reparación y su posible relación con las vías previamente descritas.

REPARACION DEL DNA DE LEVADURAS. REMOCION DE LOS PUENTES INTER-CATENARIOS INDUCIDOS POR EL TRATAMIENTO CON PSORALENO Y UV DE 365 nm. (DNA repair in yeast. Removal of the interstrand crosslinks induced after treatment with psoralen plus UV 365 nm). Magaña-Schwencke, N. y Moustacchi, E. Institut Curie, Orsay, Francia.

Diversos estudios de la reparación del DNA en levaduras han permitido establecer la presencia de tres vías principales de reparación en este organismo. Estas vías están controladas genéticamente por una cincuentena de genes conocidos actualmente.

La irradiación con UV de 365 nm en presencia de psoraleno induce en la formación de mono adiciones y puentes entre las cadenas del DNA. Las lesiones inducidas proporcionan un excelente modelo para el estudio de los mecanismos de reparación de este tipo de daño en el DNA.

En nuestro estudio, hemos tratado de establecer las diferentes etapas bioquímicas de dicha reparación y su posible relación con las vías previamente descritas.

ASESORAMIENTO GENETICO EN CASOS DE CROMOSOMAS DIMINUTOS. (Genetic counselling in cases of minute chromosomes). N.C. Magnelli. Instituto de Genética. Facultad de Ciencias Médicas. Universidad Nacional de Cuyo Mendoza. Argentina.

Este trabajo sobre cromosomas diminutos discute el efecto fenotípico, la identificación del origen y los problemas de asesoramiento genético que plantean. Usualmente se encuentran en pacientes con severos complejos malformativos y retardo mental.

Se presentan cromosomas diminutos en 2 individuos no emparentados y en cuyos exámenes clínicos no se encuentran malformaciones.

En el caso 1 se encontró un cromosoma diminuto en todas las células de un hombre sano, de inteligencia normal, estudiado por infertilidad matrimonial, este diminuto también está presente en su padre.

En el caso 2 el cromosoma aberrante se encontró en una niña de tres años, formando un mosaico. La paciente tiene retardo psicomotor leve y EEG anormal.

Establecer la relación aberración-infertilidad en el caso 1 como causa-efecto es muy difícil. Puede tratarse de una asociación casual o puede ocurrir que por crossing-over o interacción génica el efecto del cromosoma diminuto de este hombre no sea igual que en el padre. El problema del consejo genético es mayor si se contempla la posibilidad de estudio pre-natal.

En el caso 2 la relación aberración-fenotipo es ne cesaria para identificar la etiología del síndrome.

Por tratarse de un mosaico no presente en los padres el asesoramiento genético es más sencillo.

El estudio de bandas en cromosomas metafásicos difícilmente permite identificar los cromosomas diminutos, igual que el estudio de meiosis en algunos casos.

El estudio de bandas en cromosomas profásicos puede dar resultados más alentadores y es lo que se ha intentado en estos pacientes.

ESTUDOS CITOTAXONÓMICOS EM ROEDORES DO EXTREMO SUL DO BRASIL. (Cytotaxonomic studies in rodents of south Brazil)

Margarete, M.S., I. J. Sbalqueiro, T.R.O. Freitas e L.F.B. Oliveira. Departamento de Genética, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

Estão sendo estudados os cariótipos de oito espécies de Cricetídeos coltados em vários locais do Rio Grande do Sul: *Holochilus magnus* (2n=52, NA=58), *Reithrodon auritus* (2n=28, NA=40), *Akodon azarae* (2n=38; NA=38), *Oryzomys delticola* (2n=62; NA=81 e 82), *Oryzomys flavescens* (2n=65 e 66; NA=69 e 70), *Nectomys squamipes* (2n=56, 57 e 58; NA=55, 56, 57, 58 e 60), *Oxymycterus cf rufus* (2n=54; NA=64) e *Akodon sp* (2n=43, 44 e 45; NA=44). Seis das oito espécies mostraram variações em seus cariótipos ou entre ou dentro das populações. Destacam-se as alterações envolvendo o par sexual: morfologia variável de X (*H. magnus*, *O. delticola*, *O. flavescens* e *N. squamipes*) ou de Y (*O. delticola* e *N. squamipes*), duplicações de X (*R. auritus*) e não-disjunções deste par (*Akodon sp*). *O. flavescens* e *N. squamipes* têm sua variação de número devida a sistemas de cromossomos acessórios.

SIMILARIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES LOCAIS DE *ANASTREPHA FRATERCULUS* (DIPTERA, TEPHRITIDAE) DE DIFERENTES HOSPEDEIROS. (Genetic similarity in local populations of *Anastrepha fraterculus* from different hosts).

Malavasi, Aldo e Morgante, João S. Depto. de Biologia, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, C.P. 11.461, São Paulo, Brasil.

A fase larvária dos tefritídeos ocorre necessariamente no interior de tecidos vegetais. Esta característica torna as espécies da família, um bom material para estudos de genética e evolução. Além disso, esses insetos tem grande importância econômica quando infestam frutos.

A análise isozímica, através de eletroforese horizontal em gel de amido, de 11 populações locais de 8 diferentes hospedeiros, revelou alta similaridade genética ( $S = .998 + .001$ ) em 11 locos enzimáticos. Este resulta evidencia que há pouca diferenciação genética entre essas populações. Em alguns casos, há maior distância genética entre duas populações de um mesmo hospedeiro em anos sucessivos, que entre populações de hospedeiros diferentes.

Tres características biológicas da espécie poderiam explicar esses resultados: grau de variação do tamanho efetivo da população natural; padrão multivotino de reprodução e alto grau de polifagia.

(Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, processo nº 400680/80)

ESTUDO GENÉTICO-CLÍNICO DE DEFICIENTES VISUAIS. *Clinical and genetic study of the visual handicaps*-Marques, M.M.T. Serviço de Genética, Depto. Oftalmologia da Univ. Federal de Minas Gerais.

O estudo genético-clínico-assistencial em Institutos para deficientes visuais em Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, constatou que entre os alunos destas instituições cerca de 60% (dos 328 examinados até o momento) são acometidos por doenças hereditárias. Diversas famílias foram chamadas para esclarecimentos sobre a doença, risco de repetição da mesma etc. Verificou-se quase total desconhecimento por parte das famílias, da importância de um Conselho Genético e orientação socio-profissional de seus membros afetados. O objetivo principal do trabalho visa a prevenção da cegueira, não só de origem hereditária (Acons. Genét.), como infecto-contagiosa, carencial, traumática etc. Para tanto realizamos vários programas envolvendo educadores, psicólogos, assistentes sociais, enfermeiras fornecendo-lhes esclarecimentos médicos e genéticos para pleno êxito no campo destas especialidades afins. Ressaltamos não ser fácil o Acons. Genético em afecções oftalmológicas por causa da heterogeneidade destas.

SÍNDROME DE DOWN NO BRASIL (Down's syndrome in Brazil). Martello, N. (Dep. Genética-UNESP-Butatuba, S.P. Brasil), Santos, J.L.F. (Dep. Epidemiologia-Fac. Saúde Pública-USP) e Frota-Pessoa, O. (Dep. Biologia-Inst. Biociências-USP).

Com base no Censo Demográfico de 1970, estimamos, para o Brasil e suas cinco Regiões Fisiográficas, o número de nascidos vivos por idade materna. Multiplicando esse número pela respectiva frequência de afetados pela síndrome de Down (Hook e Fabia, *Teratology*, 17:223 1978), somando os resultados e dividindo esta soma, multiplicada por mil, pela soma dos nascidos vivos, estimamos o número de afetados por mil nascimentos (AF). Estimamos ainda: a) a fecundidade (FJ) das mulheres jovens (15-35 anos), b) a fecundidade (FI) das mulheres idosas (35-50 anos) e c) a proporção relativa das mulheres idosas (PI) no total de mulheres em idade fértil:

REGIÃO	AF	FJ	FI	PI
Norte (N)	2,55	0,214	0,154	0,268
Nordeste (NE)	2,60	0,194	0,133	0,284
Sudeste (SE)	2,30	0,134	0,069	0,312
Sul (S)	2,28	0,163	0,090	0,292
C. Oeste (CO)	2,10	0,190	0,107	0,263
Brasil	2,41	0,163	0,095	0,296

Da interação entre FJ, FI e PI resultam, nas Regiões brasileiras, três padrões demográficos nítidos, que se associam a valores de AF altos, médios e baixos.

1. Padrão N-NE-AF alto, apesar de FJ alta e PI baixa, devido a FI alta;
2. Padrão SE-S - AF médio, apesar de PI alta e FJ baixa, devido a FI baixa.
3. Padrão CO - AF baixo, devido a FJ alta, FI média e PI baixa.

INDUÇÃO DE MUTAÇÃO EM TOMATE-*Lycopersicon esculentum* (Induction of Mutations in Tomato. [*L. esculentum*]) Martino Roth, M.C.; Viégas, J. e Amaral, C.O. Departamento de Zoologia e Genética, Instituto de Biologia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil.

Com o objetivo de comparar o efeito e a eficiência mutagênica de diversos mutagênicos químicos em sementes de olerícolas (tomate, aspargo e morango), estão sendo realizados tratamentos utilizando-se os alquilantes EMS (etil-metano-sulfonato), MMS (metil-metano-sulfonato), DES (di-etil-sulfonato), DMS (dimetil-sulfato) e um inibidor enzimático não alquilante, a azida sódica. Nos tratamentos citados estão sendo realizadas variações de concentração dos mutagênicos e da duração do tratamento, tanto em sementes secas como pré-embtidas. O efeito mutagênico em plântulas M<sub>1</sub> é estimado através do dano fisiológico observado pela redução de tamanho da radícula e do hipocótilo, assim como da taxa de germinação. A análise dos primeiros resultados, obtidos com o tratamento de 13.500 sementes de tomate [*Lycopersicon esculentum*] tratadas com EMS nas concentrações de 1%, 1,5%, 2% e 2,5% durante 2hs, 4hs e 6hs, em sementes secas e pré-embtidas por 6hs e 12hs, mostrou grande variação em termos de efeitos fisiológicos. Os tratamentos que se aproximaram de DL50 foram o de 2% por 6hs em sementes secas e o de 2,5% por 6hs em sementes pré-embtidas durante 12hs, os quais apresentaram uma redução no comprimento da radícula de 50,78% e 50,60% respectivamente. Os dados com os outros mutagênicos estão sendo analisados e serão discutidos durante a apresentação no Congresso.

FATORES GENÉTICOS E AMBIENTAIS EM DISTÚRBIOS DE LINGUAGEM: FREQUÊNCIA DOS DISTÚRBIOS DE FALA. (Genetic and environmental factors on language disorders: speech disturbances frequency). Borges Osório, M.R. e Salzano, F.M. Depto. de Genética, I. Biociências, Univ. Fed. do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil.

A linguagem é um processo de comunicação que se desenvolve através de etapas cognitivas pré-estruturadas, envolvendo a linguagem interior, a compreensão, a fala, a leitura e a escrita. Cada uma destas etapas pode apresentar-se perturbada, constituindo diferentes problemas de linguagem, que são causa importante de dificuldades de aprendizagem e evasão escolar.

A fim de verificar-se a frequência dos distúrbios de fala, leitura e/ou escrita em escolares de Porto Alegre, RS, bem como avaliar os fatores genéticos e ambientais que estejam influenciando sobre os mesmos, foram aplicados a 106 alunos do 1º Grau (58% do sexo masculino) testes específicos de articulação de palavras, leitura e escrita, bem como realizado exame neuropsicológico dos afetados e estudo detalhado de suas famílias.

A frequência dos problemas de fala entre os 106 probandos foi estimada em 33%. De acordo com a história evolutiva dessas crianças, 35 tiveram dificuldade para falar; destas, 26 (24%) apresentavam dislalia à época da averiguação, 7 problemas relacionados com a compreensão de conceitos e 2, tartamudez.

ANÁLISIS COMPARATIVO POR BANDEO SECUENCIAL ENTRE UN PRIMATE DEL NUEVO MUNDO (*Cebus apella*) Y EL HOMBRE. (Comparative analysis by sequential banding between a New World monkey -*Cebus apella*- and man). Matayoshi T., Howlin E., Nazzari N., Gadow E. y Nagle C. Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas (CEMIC Centro Nacional de Genética Médica-Instituto Latinoamericano de Investigaciones Médicas de la Universidad del Salvador (ILAIMUS)-Galvén 4102 - BUENOS AIRES 1431 - ARGENTINA.

El hallazgo en un chimpancé de un cuadro típico de Síndrome de Down con una trisomía de un par de acrocéntricos idéntica a la correspondiente a dicho trastorno en el hombre es uno de los elementos que sugiere que la homología de bandas entre distintas especies se acompaña de homología sinténica.

El establecimiento del grado de conservación de homeología cromosómica en un primate respecto del hombre puede ser de gran valor cuando se pretende extrapolar resultados experimentales entre ambas especies.

En este trabajo se aplicaron en forma secuencial tinción clásica y técnicas de bandeos G y Q a cultivos de linfocitos de sangre periférica procedentes de 10 ejemplares de *Cebus apella*, caracterizados fenotípicamente en el bioterio de ILAIMUS. Se compararon los patrones de bandeos G y Q con el set haploide del cariotipo humano estableciéndose homeologías para más del 50% de éste, habiéndose determinado tres categorías coincidentes en las dos técnicas: 1.- CONSERVATIVA: bandas y tamaños coincidentes y morfologías iguales o diferentes; 2.- SEMICONSERVATIVA: bandas coincidentes pero tamaños y morfologías diferentes; 3.- NO CONSERVATIVA: ausencia de coincidencias.

Estos resultados reafirman el criterio de que la evolución actúa a nivel de cada cromosoma y no del genoma como una unidad.

TRICHOMETASPHERIA TURCICA LUTT.: Citología e patogenicidad. (*T. turcica*: cytology and virulency).

Matsumura, A.T.S. & Heidrich-Sobrinho, E.

Foram analisados isolados monoconidiais e policonidiais de uma população natural de *T. turcica*. Da análise citológica ficou evidenciada a ocorrência da condição multinucleada das estruturas vegetativas, possibilitando a ocorrência do efeito sinérgico na manifestação fenotípica das características; anastomoses entre as hifas e consequente migração nuclear; divisão sincrônica, possibilitando a formação de núcleos aneuploides e poliploides através da coalescência das fibras do fuso. Do teste de patogenicidade, aspersão de plântulas de 3 linhagens de milho: K64HtN, Ladyfinger ambas com genes para resistência monogênica à *T. turcica*, e linhagem Pelotas 36 com genótipo desconhecido, os resultados obtidos mostraram haver diferenças estatisticamente significativas entre os isolados, entre as 3 linhagens de milho e na interação isolado x linhagem, permitindo sugerir que: existe mais de um gene para patogenicidade e virulência na população do patógeno; como consequência, a heterocariose e/ou o efeito sinérgico seriam os principais responsáveis pela variação da patogenicidade; finalmente, parece não estar, ainda, suficientemente comprovado o estabelecimento de um taxon (raça, biótipo) para isolados de *T. turcica*, tendo-se em vista o evidenciado neste trabalho.

ESTIMATIVA ARTIFICIAL DA DEISCÊNCIA NATURAL EM GENÓTIPOS DE TRIGO ENVOLVENDO ANÁLISE DAS CORRELAÇÕES, VARIABILIDADE E HERANÇA DO CARÁTER VIGOR DAS GLUMAS E LEMAS. (Artificial estimation of shattering in wheat genotypes involving analysis of correlations, variability and inheritance of glume and lemma vigor trait). Matos, M.A. de O. e Carvalho, F.I.F. de. EMBRAPA, Terezina, PI e Dep. de Fit., UFSC, Florianópolis, SC.

A tolerância a debulha em trigo, foi estimada através de uma força requerida para livrar glumas e lemas do ráquis. As medidas foram feitas em plantas das gerações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>F<sub>1</sub> provenientes do cruzamento de quatro genótipos distintos. Foi observado a existência de uma alta variabilidade genética, sendo que além dos efeitos de aditividade foram detectadas efeitos epistáticos nos cruzamentos. Em geral os resultados sugerem que a herança da resistência a debulha não é muito complexa e pouco afetada pelo ambiente. Considerando que o vigor das glumas e lemas seja recessivo e que genes com grande efeito estejam presentes nestes cruzamentos a orientação de seleção para a resistência a debulha em gerações segregantes poderá ser efetiva. As correlações foram inexpressivas entre vigor e outros caracteres.

ASESORAMIENTO GENETICO EN LA MICROFTALMIA Y MALFORMACIONES OCULARES RELACIONADAS. (Genetic counselling in microphthalmia and related ocular malformations). M. Maza de Funes. Instituto de Genética. Facultad de Ciencias Médicas. Universidad Nacional de Cuyo. Mendoza. Argentina.

La microftalmía y anomalías oculares relacionadas constituyen un motivo de consulta relativamente frecuente dentro del grupo pediátrico especialmente. Se presenta el estudio de 40 casos, en 13 de los cuales la etiología genética es clara y el asesoramiento es sencillo: 4 son microftalmía complicada; 2 son de microftalmía de tipo colobomatoso; 2 son de coloboma de iris asociado a subluxación de cristalino; 2 son de enfermedad de Norrie; 2 son trisomía 13 y 1 es un caso de anoftalmía.

En los 17 casos restantes, que son esporádicos, el consejo genético se torna muy difícil; sin embargo, el examen minucioso de las anomalías oculares involucradas, así como el seguimiento retrospectivo de la evolución de las lesiones y el examen de los familiares resultan de una ayuda apreciable en la aproximación diagnóstica y posterior asesoramiento. Este grupo está constituido por 9 casos de lesiones colobomatosas; 5 de microftalmía complicada; 1 de anoftalmía y 2 de disgenesia mesodérmica del iris y córnea.

El examen de los familiares es de particular interés en el caso de las lesiones colobomatosas, pues éstas pueden afectar el fondo del ojo solamente y no ser conocidas por el portador no estudiado.

En la revisión bibliográfica efectuada se percibe que se pone gran énfasis en los casos familiares, con varios afectados; se hace poca o ninguna referencia a los casos esporádicos, entre los que, sin embargo, se pone de manifiesto un deficiente estudio familiar. Tampoco se trata de establecer una relación de frecuencia entre los grupos, útil en el asesoramiento

UM MODELO PARA A ANÁLISE DE CRUZAMENTOS DIALÉLICOS PARCIAIS. (A model for the analysis of 'partial' diallel crosses). Miranda Filho, J.B. e Geraldi, I.O. Deptº de Genética, ESALQ, Universidade de São Paulo, Piracicaba, S.P.

Os cruzamentos dialélicos intervarietais tem sido amplamente utilizados no melhoramento de plantas, como uma metodologia para a avaliação do potencial de populações para utilização em híbridos. Os modelos disponíveis permitem a avaliação do potencial heterótico de populações bem como dos componentes de heterose: heterose média, heterose de variedades e heterose específica, conforme sugerido por GARDNER e EBERHART (1966). Devido ao grande número de cruzamentos necessários no esquema dialélico completo, é sugerido o esquema de dialélico parcial, onde o conjunto de variedades é dividido em dois grupos (1 e 2) e são avaliadas experimentalmente as I variedades do grupo (1), as J variedades do grupo (2) e os IJ híbridos intergrupos.

O seguinte modelo, adaptado de GARDNER e EBERHART (1966) é utilizado:  $Y_{ij} = m + \alpha d + (1/2)(v_i + v_j) + \theta(h_i + h_j + s_{ij})$ , onde  $Y_{ij}$  representa a média do híbrido entre a variedade  $i$  do grupo (1) e a variedade  $j$  do grupo (2), sendo  $\alpha = 0$  e  $\theta = 1$ . Para representar variedades, substitui-se  $Y_{ij}$  por  $Y_{ii}$  ou  $Y_{jj}$  e  $\theta = 0$ ;  $\alpha = 1$  para  $Y_{ii}$  e  $\alpha = -1$  para  $Y_{jj}$ . Todos os outros termos do modelo são como definidos por GARDNER e EBERHART (1966), exceto  $d$  que é uma medida da diferença entre grupos de variedades. Foram obtidas fórmulas para estimação dos parâmetros e das somas de quadrados para realização da análise da variância.

ESTUDIO CITOGENETICO DEL HIBRIDO ENTRE LAS ESPECIES *ZEa DIPLOPERENNIS* Y *ZEa PERENNIS* (Cytogenetic studies of interspecific hybrids between *Zea diploperennis* and *Zea perennis*). Molina, M. del C. Instituto Fitotécnico de Santa Catalina. 1836 Llavallol. Argentina.

En el Instituto Fitotécnico de Santa Catalina se obtuvo un híbrido entre *Zea diploperennis* Iltis. Doebley y Guzmán (2n=20) y *Zea perennis* (Hitch) Paevy et Manj. (2n=40), con un número cromosómico de 2n=30, a excepción de una planta que tiene 2n=40.

La configuración meiótica más frecuente en *Zea perennis* en metafase I es 5 IV + 10 II; en *Zea diploperennis* es de 10 II y en el híbrido con 2n=30 es de 5 III + 5 II + 5 I. Por lo cual si se descarta el fenómeno de autosíndesis se puede deducir, que se aparean ya sea en forma total o parcial todos los cromosomas de *Zea perennis* con los de *Zea diploperennis*, quedando sin aparear 5 cromosomas de *Zea perennis*. La fertilidad del polen varía desde 37 al 83%, obteniéndose solamente un 2% de semilla fértil. En su totalidad se observaron translocaciones e inversiones.

El híbrido con 2n=40, presumiblemente tenga su origen en una gameta no reducida de *Zea diploperennis* (sp. materna). Las configuraciones observadas con más frecuencia son: 5 IV + 10 II; 4 IV + 12 II; 3 IV + 14 II teniendo muy pocos monovalentes y trivalentes. La fertilidad del polen es de 58,4%, obteniéndose un 80% de semilla fértil.

Hasta el presente no se ha encontrado una interpretación satisfactoria que explique en el híbrido con 2n=40 la ausencia de III y I; como así tampoco la elevada fertilidad en comparación con los otros híbridos de *Zea diploperennis* y *Zea perennis*.

COMPOSIÇÃO DE MISTURAS DE FEIJÃO (*PHASEOLUS VULGARIS* L.) E SUA ESTABILIDADE. (Composition and Stability in Mixtures of Beans (*Phaseolus vulgaris* L.)). Miranda, P. Costa, A.F. e Reis, O.V. dos. Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária - IPA, Recife-PE, Brasil.

Estudaram-se o comportamento de linhas de feijão *P. vulgaris* em diversos ambientes ecológicos de Pernambuco, visando orientar a formação de misturas estáveis. Os estudos foram desenvolvidos em 3 etapas. Na primeira, estudou-se dez misturas preparadas com 40 linhas  $F_{10}$  oriundas do cruzamento "Costa Rica"  $L_3-0-50$ . Posteriormente avaliaram-se 25 linhas de elite, geração  $F_{10}$  oriundas dos cruzamentos entre "Costa Rica"  $L_3$  x "Gordo" e "Rico-23" x "Gordo", utilizando-se a cultivar IPA-74-19 como controle. Finalmente, estudaram-se 15 misturas formadas por 9 linhas de elite, selecionadas com base nas etapas anteriores, sendo 3 consideradas aptas às boas condições, 3 estáveis e 3 adaptadas às más condições. Verificou-se que as misturas mais estáveis foram as formadas pela reunião de linhas adaptadas às más condições, linhas adaptadas às boas condições com linhas adaptadas às más condições, em números iguais, e linhas estáveis com linhas adaptadas às más condições envolvido no máximo 4 linhas neste tipo de mistura, em números iguais.

ESTUDIO CITOGENETICO DE *ZEa DIPLOPERENNIS* (Cytogenetic studies on *Zea diploperennis*) Molina, M. del C. Instituto Fitotécnico de Santa Catalina. 1836 Llavallol. Argentina.

*Zea diploperennis* Iltis, Doebley and Guzmán, es una nueva especie de la familia de las maíces que tiene un número cromosómico de 2n=20, habiéndose hallado una planta con 2n=20 + 1, aparentemente este cromosoma extra puede ser un cromosoma B.

En el recuento de 100 células en metafase I se observaron las siguientes configuraciones meióticas: 10 II en el 73% de las células; 9 II + 2 I en el 23% 1 I + 8 II + 1 III en el 3% y 3 I + 1 III en el 1%. Teniendo como promedio 14 quiasmas.

La longitud de los cromosomas en paquité intermedio fue sumamente variable, caracterizándose los mismos por tener knobs terminales muy pequeños en ambos brazos del cromosoma 1, en el brazo corto del cromosoma 2 y en el brazo largo del cromosoma 6; knobs terminales medianos en el brazo largo de los cromosomas 5, 8, 9 y un knob terminal conspicuo en el brazo largo del cromosoma 4 y en el cromosoma extra; careciendo de knobs los cromosomas 3, 7, 10 y ocasionalmente el cromosoma 6.

En anafase migran 10 cromosomas hacia cada polo en el 82% de las células, en el 18% restante migra distinto número de cromosomas hacia cada polo o quedan cromosomas atrasados. Se observó aunque en bajo porcentaje puentes de inversión. Los granos de polen son grandes y de elevada fertilidad. (98%).

Las anomalías cromosómicas observadas en *Zea diploperennis* pueden atribuirse a una acumulación de mutaciones somáticas al multiplicarse vegetativamente o bien que sea una especie relativamente reciente que todavía no alcanzó su estabilidad cromosómica.



POLIMORFISMO ISOZÍMICO EM POPULAÇÕES NATURAIS DE RELBUNIMUM HYPOCARPIUM. (Isoenzyme polymorphism in natural populations of *Rebunium hypocarpium*). Molina, S. C. e Winge, H. -Dep. de Genética, UFRGS, Porto Alegre RS, Brasil.

A variabilidade gênica de *Rebunium hypocarpium*, espécie de autofecundação, está sendo estimada pela análise de isozimas em plântulas. São analisadas se paradamente: folhas cotiledonares, hipocótilo e raiz. Nos 5 sistemas enzimáticos (ACP, EST, GDH, GOT e PER) são utilizadas 4 condições de migração, variando a concentração do gel e o pH. Até o momento, analisamos 3 populações do Brasil: Restinga (Depressão Central-RS), Cerro do Jarau (Campanha-RS) e Itaimbezinho (Campos de Cima da Serra-RS).

A variabilidade intra e interpopulacional variou com o sistema enzimático: muito baixo em ACP, PER e GDH; maior em GOT e, principalmente, em EST. A variabilidade interna decresceu da população de Jarau para a do Itaimbezinho. Jarau foi a que apresentou o maior índice de similaridade médio de bandas com as outras duas populações, sendo Restinga a mais distinta.

Estimamos um total de 65 locos prováveis, dos quais apenas 21 devem ser polimórficos, o que representa 32% dos locos analisados.

Contudo, as maiores diferenças entre os indivíduos da mesma população, bem como de regiões distintas, são devidas à presença e ausência de bandas. Essas diferenças poderiam ser atribuídas a uma alta frequência de alelos nulos. Entretanto, resultados ontogenéticos já obtidos, permitem supor que isto se deve a diferenças em genes do sistema de regulação.

ANÁLISIS DE LA DISTRIBUCION DE LOS PATRONES DIGITALES ENTRE GUAMBIANOS Y 20 POBLACIONES INDIGENAS DE SURAMERICA (Distribution of digital patterns in Guambianos and comparisons between 20 southamerican indian populations).

Monsalve, M.V.; Espinel, A. y Chiappe, C. Dpto Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

Se estudiaron las frecuencias de los patrones digitales de las manos de 103 indígenas Guambianos (Colombia) comparándose sus distribuciones, mediante tablas de contingencia con las siguientes poblaciones: Aymará (Chaquipiña, Belén, Socoroma), Cainqanq, Cashinahua (Rio das Cobras, Ivai), Chipaya, Guarani, Jivaro, Mapuche, Pewenche, Suruis, Toba Trio, Xavante (Sao Domingos, Simoes Lopes), Xikrins, Yanomama y Yupka (Chaparro, Pariri).

Las comparaciones se hicieron para las frecuencias observadas de todos los patrones digitales, entre Guambianos y cada una de las otras poblaciones, encontrándose diferencias significativas (5%). En general, parece que el patrón Arco genera la mayor fuente de discrepancia en los análisis; se detectó mayor contingencia en la comparación con el grupo Pariri (Venezuela), debido a que éste y los Guambianos presentan las frecuencias más altas de este patrón. Finalmente, la distribución más uniforme fue la encontrada en el grupo Guambiano.

Se discuten las posibles relaciones entre las poblaciones indígenas y las distribuciones de los patrones.

PARAMETROS GENETICOS, FENOTIPICOS Y AMBIENTALES EN UN RODEO HEREFORD (Genetic, phenotypic and environmental parameters in a Hereford herd).

MELUCCI, L.(1); MIQUEL, M.C.(2); MOLINUEVO, H.A.(2) Estación Experimental Regional Agropecuaria-INTA-Balcarce. Buenos Aires, Argentina.

Con el objetivo de obtener las estimaciones de parámetros genéticos, fenotípicos y ambientales; por medio-hermanos paternos, se utilizaron 571 observaciones de: peso al nacer (PN); peso al destete (PD); y las ganancias de pesos absolutas (GDH) y relativas (GDHDR), en un rodeo Hereford. Para 361 animales se analizaron además: peso a los 18 meses (P18m) y las ganancias de peso absolutas (GDPD) y relativas (GDPDR) en el post destete.

Los valores estimados de las heredabilidades fueron: 0.6 (PN); 0.1 (PD); 0.1 (GDH); 0.4 (GDHDR); 0.3 (P18m); 0.1 (GDPD) y 0.0 (GDPDR).

Las correlaciones genéticas y ambientales marcaron una amplia variación desde valores negativos a positivos, algunas de ellas con grandes desvíos estandar.

Se destaca que una selección por mayor GDHDR disminuiría el PN, beneficiando la facilidad de parto y el logro de animales más eficientes. A su vez la selección por mayor GDH nos permitiría lograr animales de mayores PD.

(1) Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Mar del Plata.

(2) Estación Experimental Regional Agropecuaria. INTA-Balcarce, Buenos Aires.

PATRONES DE BANDEADO G Y C EN CROMOSOMAS DE TRES ESPECIES DE AKODON (RODENTIA, CRICETIDAE). G and C Chromosome Banding Patterns in three species of Akodon (Rodentia, Cricetidae).

Montoya, R. y Rodríguez, M. Dpto. de Biología Molecular, Fac. de Ciencias Biológicas y de Rec. Naturales, Universidad de Concepción, Concepción.

El género *Akodon* comprende cerca de 40 especies todas distribuidas en Sudamérica, encontrándose en él un gran rango de números diploides, desde  $2N=14$  a  $2N=52$ , con grandes variaciones cromosómicas intraespecíficas que incluyen cambios en la estructura, diversidad y frecuencia numérica (especies venezolanas y argentinas). Para las especies autóctonas de Chile la situación es diferente: el análisis cariológico muestra una igualdad tanto en el número como en la forma cromosómica.

En el presente trabajo se analizan cromosómicamente tres especies del género: *A. longipilis*, *A. olivaceus* y *A. xanthorhinus*, mediante técnicas de bandeo.

Los resultados no muestran variabilidad cromosómica, puesto que comparten las mismas características morfológico-estructurales y respuestas similares a técnicas de bandeo G y C principalmente. La heterocromatina constitutiva centromérica es escasa y ubicada de preferencia al rededor del centrómero, existiendo zonas de tinción de los brazos largos (q) de los cromosomas 14, 20 y X. El cromosoma Y se presenta totalmente heterocromático.

Como conclusión podemos decir que no es posible separar taxonómicamente estas tres especies tomando sus cariotipos como elementos sistemáticos distintivos.

**INTERCAMBIO DE CROMATIDES HERMANAS EN DESNUTRICION CALORICO - PROTEICA SEVERA.** (Sister chromatid exchange in severe calorie protein malnutrition). Moreno, R., Curotto, B., Seebach, CH. y Lacassie, Y. Unidad de Genética, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, Santiago.

Mientras hay consenso que la desnutrición calórico-proteica (DCP) severa modifica la replicación del DNA y la síntesis proteica, existe controversia sobre los efectos a nivel de anomalías cromosómicas. Esta podría deberse a la heterogeneidad de los tipos clínicos de desnutrición y/o a otros factores ambientales intercurrentes. Dado que el intercambio de cromatidos hermanas (ICH) ha demostrado ser un método sensible para el estudio de inestabilidad cromosómica y de mutágenos ambientales, se estudió la frecuencia de ICH en cultivos de linfocitos de sangre periférica en 5 lactantes con DCP severa y se compararon con 5 niños eutróficos del mismo rango de edad y que cumplían los mismos requisitos. Los resultados no muestran diferencias en la frecuencia de ICH ni un aumento de alteraciones estructurales.

**HERENCIA Y PATOLOGIA: CONSANGUINIDAD EN FAMILIAS Y PATOLOGIA CLINICA EN UNA MUESTRA DE GENEALOGIAS.** (Inheritance and Pathology: Familial consanguinity and clinical pathology in a sample of pedigrees). Moreno-Fuenmayor, H. Unidad de Genética Médica, Universidad del Zulia, Maracaibo, Venezuela.

Se analizaron 68 genealogías elaboradas por estudiantes de Medicina que recién finalizaron el curso de Genética Médica a nivel de pregrado. Los resultados de este análisis indican una elevada prevalencia de consanguinidad en estas familias, ( $p=0.0330$ ). Cuando las genealogías se clasifican de acuerdo al origen de los abuelos, las proporciones de consanguinidad matrimonial se distribuyen en un rango (0.0149 p 0.0588) siendo la proporción más elevada la de aquellas familias provenientes del Estado Falcón.

Veinte estudiantes acusaron patología clínica en sus parientes cercanos ( $p=0.2941$ ), las cuales eran probablemente o definitivamente hereditarias (diabetes, enfermedades cardiovasculares, retraso mental familiar, cáncer, muerte neonatal en varones glaucoma congénito o infertilidad). El asesoramiento genético a estas familias permitió indicarles las medidas preventivas a seguir para las personas "a riesgo".

Estos resultados permiten sugerir el análisis genealógico como método preferencial de pesquisa poblacional para familias de alto riesgo genético con fines médicos preventivos.

**RELAÇÕES EVOLUTIVAS NO COMPLEXO ANASTREPHA FRATERCULUS (DIPTERA - TEPHRITIDAE).** (Evolutionary Relationships of Neotropical *Anastrepha fraterculus* complex). Morgante, J.S. e Malavasi, A. Departamento de Biologia, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, C. Postal 11.461, São Paulo, Brasil.

Análises izozímicas (11 locos) foram realizadas através da técnica de eletroforese em gel de amido em diversas amostras de *A. fraterculus* (Wied.), provenientes de diferentes localidades e hospedeiros.

Foi observado que esta espécie na realidade se apresenta como um grupo heterogêneo de espécies crípticas. Populações alopatricas, apresentam uma maior similaridade genética ( $I= .990$ ), quando comparadas com populações simpátricas ( $I= .983$ ) provenientes de hospedeiros distintos. Com base nos coeficientes de similaridade genética podemos reconhecer 4 grupos de populações, morfologicamente indistinguíveis. A heterogeneidade genética revelada pela análise izozímica é corroborada pelas análises cariotípicas.

Como *A. fraterculus* se constitui na mais séria praga de frutos da região Neotropical, a delimitação dos limites específicos é importante quer sob o ponto de vista econômico quer sob o ponto de vista teórico e para isso, o estudo zoogeográfico é fundamental.

(Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Processo nº 400680/80)

**A PROPOSITO DE UN CASO FAMILIAR DE HIPOGONADISMO HIPOGONADOTROFICO.** (A familial case with hypogonadotrophic hypogonadism). Morizon, G. Biancani, F. Avendaño, I. Weinstein, C. Aspillaga, M. Unidad de Genética y Depto. de Endocrinología, Hospital L. Calvo Mackenna. Depto. de Endocrinología, Hospital Salvador, Santiago.

Los hipogonadismos se clasifican en hiper o hipogonadotróficos según la localización de la falla a nivel del efector, de la hipófisis, o aún, en el hipotálamo.

Las variaciones de los hipogonadismos hipogonadotróficos son escasas.

Estudiamos un varón de 19 años, sin signos físicos de pubertad, y cuyos exámenes de laboratorio (testosterona, LH, FSH, GnRH.) revelaron un caso típico de hipogonadismo hipogonadotrófico.

En el interrogatorio resultó ser hermano de una mujer de 24 años enviada anteriormente a nuestro servicio por el Depto. de Endocrinología del Hospital Salvador, siendo el diagnóstico el mismo. En vista del hallazgo se decidió practicar un estudio genético familiar.

Se discute el diagnóstico diferencial y el tratamiento a seguir.

PURIFICACION PARCIAL DE ESTRUCTURAS TIPO VIRAL EN CANCER GASTRICO HUMANO. (Partial Purification of virus-like particles from human gastric cancer). Muñoz G.E., Horvat A., Sierralta G., Lab. Genética, Inst. Biología, Universidad Católica Valparaíso.

Recientemente hemos reportado la observación de estructuras tipo viral en tejidos intactos provenientes directamente de pacientes con cáncer gástrico (Acta Cient. Venez. Vol.31 N°61). Dichas estructuras se clasificaron morfológicamente como virus tipo-C.

En un intento de purificación de dichas estructuras, hemos empleado centrifugación diferencial para la obtención de la fracción microsomal, la que se filtró a través de una columna de sefarosa 2B. Las diferentes fracciones obtenidas se leyeron en espectrofotómetro a 260 nm. La fracción de mayor absorbancia en 260 nm se centrifugó en una gradiente de densidad de sacarosa 25%-55%, obteniéndose un pico de máxima absorbancia a 260 nm en una densidad de 1.16-1.18gr/ml, característico de virus tipo-C.

Esta fracción, la fracción microsomal y aquella de máxima  $A_{260}$  obtenida en la columna de sefarosa se observaron al microscopio electrónico, empleando tanto la técnica de contacto de grilla para material en solución, como la técnica de procesamiento de muestras sólidas (inclusión en resina y corte ultrafino). En todos los casos se observaron estructuras virales tipo-C. Dichas estructuras no se lograron separar de tejidos normales.

CITOTAXONOMIA Y EVOLUCION EN ESPECIES HERBACEAS DE *Oxalis*. (Cytotaxonomy and evolution in herbaceous species of *Oxalis*). Naranjo, C.A., Mola, L., Poggio, L. y Múrgura de Romero, M. Depto. Biología, UBA, Argentina.

*Oxalis* es un género complejo donde los estudios cromosómicos ayudarían a la resolución de problemas taxonómicos y evolutivos. Por medio de estudios mitóticos en hojas y meióticos en flores jóvenes se analizaron 10 taxa correspondientes a 4 secciones.

En la secc. Ionoxalis se estudió *O. corymbosa* y *O. sellowiana*, ambas diploides ( $n=7, x=7$ ) con cromosomas pequeños. *O. hispidula* sería tetraploide  $n=14$  ( $14II$ ) y cromosomas pequeños; un individuo de la misma población, pentaploide ( $2n=35$ ) con configuración meiótica media de  $14II+7I$  en MI, sería un presunto híbrido natural entre *O. hispidula* ( $4x$ ) y un hexaploide afín. En la secc. Laxae se estudió *O. micrantha* que es diploide ( $n=9, x=9$ ) con cromosomas muy pequeños. En la secc. Articulatae se estudiaron 2 variedades de *O. articulata* resultando ambas diploides con  $n=7$  ( $x=7$ ) y cromosomas pequeños. En la secc. Corniculatae se estudió *O. sexenata*, hexaploide ( $n=18, x=6$ ) con meiosis regular ( $18II$ ). *O. chrysantha* presentó tres citotipos en tres poblaciones diferentes: diploide  $n=6$ , tetraploide  $n=12$  y hexaploide  $n=18$ . El citotipo tetraploide presenta meiosis regular con formación de  $12II$  mientras que el hexaploide forma  $0-2IV$  y el resto  $II$ .

Existe cierta correlación entre el número básico y los caracteres morfológicos que agrupan a las especies en secciones. Se discuten los procesos más importantes en la diversificación del género: variación en el tamaño y morfología cromosómica debido, probablemente, a cambios en el contenido de ADN y alteraciones estructurales; hibridación natural de la cual hay evidencias en algunas secciones y poliploidía que es frecuente en las especies con cromosomas pequeños o medianos.

ANALISIS DEL ADN DE CINCO ESPECIES DE LA FAMILIA CRICETIDAE. (DNA analysis on five species of the Cricetidae family). Musto, H., Heguy, A. y Wettstein, R. División Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay.

Se presenta un estudio comparativo del ADN de 5 especies representativas de 5 de los 8 géneros existentes en el Uruguay de la Familia Cricetidae (*Oryzomys flavescens*, *Calomys laucha laucha*, *Holochylus bonaerensis*, *Akodon azarae azarae* y *Scapteromys brasiliensis*). La metodología utilizada fue ultracentrifugación analítica (U.A.) en CsCl neutro ( $1 \mu\text{g}$  y  $20 \mu\text{g}$  de ADN), digestiones con 11 endonucleasas de restricción (ER): Alu I, Bam HI, Bgl II, Eco RI, Hae III, Hha I, Hind III, Kpn I, Sac I, Sal I, y Taq I, seguidas de electroforesis en geles de agarosa ( $1\%$ ) y "blotting". La UA con  $1 \mu\text{g}$  de ADN mostró en todas las especies un pico principal de  $1.700 \text{ g/cc}$  ( $40.81\% \text{ GC}$ ) y en *O. flavescens* un satélite de  $1.672 \text{ g/cc}$  ( $12.24\% \text{ GC}$ ); con  $20 \mu\text{g}$  de ADN se visualiza ron además un satélite en *H. bonaerensis* ( $1.670 \text{ g/cc}$ ;  $10.20\% \text{ GC}$ ) que tiene un hombro más pesado ( $1.672 \text{ g/cc}$ ), y otro en *S. brasiliensis* ( $1.666 \text{ g/cc}$ ;  $6.12\% \text{ GC}$ ). Las digestiones con ER mostraron en *O. flavescens* ausencia de bandas, en *C. laucha* aparecen con 4 ER, en *H. bonaerensis* con 2 ER, en *A. azarae* solo 1 y en *S. brasiliensis* no aparecen. La transferencia a filtros de nitrocelulosa e hibridación con ARNr marcado con  $^{32}\text{P}$  mostró zonas amplias de hibridación y algunas bandas que no coincidieron con las visualizadas en los geles. Se correlacionarán los resultados obtenidos con la posición filogenética de estas especies dentro del grupo.

\* Apoyado por el PRDC y T de OEA y ME y C (Uruguay).

CARIOTIPOS DE CULEBRAS CHILENAS DE LOS GENEROS TACHYMENIS Y PHILODRYAS (SQUAMATA-COLUBRIDAE). (Karyotypes of Chilean snakes, genus Tachymenis and Philodryas (Squamata-Colubridae)). Navarro, J., Moreno, R. Unidad de Biología de Vertebrados, Depto. Biol. Cel. y Genética. Fac. de Medicina, U. de Chile. Casilla 6556 Stg. 7

La descripción Sistemática de las especies de culebras de Chile, está basado en caracteres de la morfología externa, hemipenes, patrones de coloración y osteología. Estas especies, no han sido estudiadas citogenéticamente. En este trabajo, se dan a conocer los cariotipos de *Tachymenis chilensis* (Schlegel) y *Philodryas chamissonis* (Wiegmann).

El número y la morfología cromosómica, fue determinado en placas metafásicas por suspensión celular de testículo y bazo, y por aplastado de intestino.

*T. chilensis*, posee  $2n=32$  ( $18M+14m$ ), el par  $N^{\circ}5$  es heteromórfico en las hembras. *P. chamissonis* posee  $2n=34$  ( $16M+18m$ ), el par  $N^{\circ}2$  presenta una constricción secundaria en el brazo largo de ambos homólogos. Ambas especies tienen macrocromosomas meta y submetacéntricos. En *T. chilensis* hay un par submetacéntrico y dos pares telocéntricos (t). *P. chamissonis* presenta solo un par t.

Número y morfología cromosómica, proporcionan nuevos caracteres sistemáticos, hasta ahora no considerados, los que refuerzan las diagnósticos de estas especies. El heteromorfismo cromosómico en hembras de *T. chilensis* sugiere la existencia de cromosomas sexuales. Esto representaría un avance evolutivo importante en relación a *P. chamissonis*.  
Financ. Proy. N922/8125 S.D.C.A.C.I. U. Chile.

BROMOSUSTITUCION PARCIAL EN EL GENOMA DE ALLIUM CEPA (Partial bromosubstitution in *Allium cepa* genome). Navarrete, M.H. y González-Gil, G. Instituto de Biología Celular, Velázquez, 144. Madrid-6. España.

En los estudios realizados hasta ahora en *Allium cepa*, utilizando bromodesoxiuridina (BrdUrd), se permite que la incorporación de esta droga ocurra al menos, durante todo un período S con lo que las nuevas cadenas de DNA presentan BrdUrd homogéneamente incorporada a lo largo de dichas cadenas.

En el presente trabajo se restringe la incorporación de BrdUrd a segmentos concretos del período S con el fin por una parte de localizar en el cromosoma metafásico la bromosustitución que ocurre durante el S temprano, medio y tardío y por otra de observar el patrón de bandeado correspondiente.

La metodología utilizada introduce cambios positivos en la técnica convencional (FPG) utilizada para detectar la incorporación de BrdUrd en el DNA.

Hasta el momento hemos obtenido buenos resultados sobre la localización del DNA de replicación tardía en el cromosoma metafásico de *Allium cepa*.

MUCOLIPIDOSIS III (Mucopolipidosis III). Negrotti, T., Chamoles, N., Dogliotti, P. y Alterman, E. Fund.Genética Hum.; Lab.Neuroquímica Clfn.del Sol y S.Cirugía Plástica,Hosp.de Niños, Buenos Aires.

La existencia de mucopolipidosis con fenotipo hurleriano mínimo o ausente es de conocimiento reciente.El caso que presentamos ejemplifica esa situación.

La enfermedad comienza a los 4 a con luxación de pulgares, con limitación articular progresiva en manos y hombros.A los 11 a: tronco corto, miembros largos, hombros angostos, deformidad esternal.Facies e intelecto normal.Limitación en la movilidad de manos, muñecas, codos y hombros.Rx:disostosis múltiple.No visceromegalia ni limitación de la movilidad en miembros inferiores.MPS urinarios normales, marcada hiperactividad de las enzimas lisosomales: séricas hexosaminidasa, arilsulfatasa A y alfa-manosidasa.Igual hiperactividad se detectó en las lágrimas.Los oligosacáridos urinarios fueron normales.El estudio ultraestructural de una biopsia de piel mostró los acúmulos de MPS .

MUTAGENICIDAD DE LA AZATIOPRINA Y SUS DOS MOLECULAS COMPONENTES EN EL SISTEMA DE *SALMONELLA*/FRACCION MICROSOMAL. (Mutagenicity of azathioprine and its two component molecules in the *Salmonella*/microsome assay) Nepomnaschy, I., Sommer, S. y Nagel, R. Laboratorio de Mutagénesis, Fundación de Genética Humana, Buenos Aires, Argentina.

La azatioprina, 6-[(1-metil-4-nitroimidazol-5-yl) tío] purine, es una droga inmunosupresora.

Se estudió la mutagenicidad de esta droga en el sistema de *Salmonella*/fracción microsomal.

Estos estudios indican que la azatioprina es un mutágeno directo en las cepas TA100 y TA1535, portadoras de mutaciones de pares de bases. La adición de fracción microsomal de hígado de rata (S-9), con o sin cofactores, o el agregado de glutatión, determina una clara disminución de la mutagenicidad en la cepa TA100 y un ligero aumento de la misma en la cepa TA1535.

Se compara el efecto mutagénico de la azatioprina con el de sus dos moléculas componentes: 6-mercaptopurina y 1-metil-4-nitroimidazol.

Se conoce que el glutatión rompe la molécula de azatioprina en sus moléculas componentes. Los resultados de nuestros estudios sugieren que el efecto de la adición de S-9 sobre la mutagenicidad de la azatioprina en las cepas TA200 y TA1535, al igual que el del glutatión, podría ser debido a un ataque nucleofílico parcial o total sobre la molécula de azatioprina por agentes reductores o glutatión, presentes en el extracto de hígado.

Se discuten las implicancias en el hombre de estas observaciones.

BASES GENÉTICAS DA HERANÇA DO CARÁTER TOLERANÇA AO CRESTAMENTO EM GENÓTIPOS DE TRIGO (*Triticum aestivum* L.). Genetic basis of inheritance on tolerant AL-toxicity character in wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.). Nodari, R.O. e Carvalho, F.I.F. de. Depto. de Fitotecnia, CCA/UFSC, Florianópolis, SC.

Genótipos de trigo sensíveis e tolerantes ao Alumínio foram usados para estudar a herança das respostas aos efeitos tóxicos deste elemento. As gerações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, R<sub>1</sub>F<sub>1</sub> e R<sub>2</sub>F<sub>1</sub> foram estabelecidas no Centro Nacional de Pesquisa do Trigo (CNP-Trigo/EMBRAPA, Passo Fundo, RS) em 1979. As diferenças genéticas parecem ser altas entre os grupos sensíveis (Anza, Siete Cerros e Toquifen) e tolerantes (BH-1146, Cotiporã, Lagoa Vermelha e Nobre) na resposta ao Alumínio. Os dados das populações segregantes de cruzamentos entre sensíveis e tolerantes mostraram que a sensibilidade foi condicionada por dois genes recessivos. As estimativas dos efeitos de aditividade e da heritabilidade foram expressivas. Os resultados indicaram que a seleção para obtenção de genótipos tolerantes poderia ser simples e rápida.

**MUTAGENICIDAD DE LOS PESTICIDAS ENDRIN Y THIRAM POR MEDIO DE ENSAYOS IN VIVO E IN VITRO** (Mutagenicity of the pesticides Endrin and Thiram by mean of in vivo and in vitro tests). *Olivero, O.A.; Pastori, M.C.; y Dilout, F.N.* Genética Toxicológica, IMBICE. La Plata, Argentina.

Se estudió la capacidad mutagénica del fungicida carbámico Thiram (bisulfuro de tetrametil tiocarbamilo) y del insecticida organoclorado Endrin (hexacloro epoxi-octahidro-endo-endo dimetanonaftaleno) por medio del ensayo de micronúcleos y del análisis de aberraciones en anafase-telofase de la mitosis de células en cultivo.

Se observaron incrementos significativos de la frecuencia de micronúcleos en animales tratados con dosis de 1 mg/kg de Endrin y de 500 o 1000 mg/kg de Thiram. Estas dosis corresponden al 14,2%; 80%; y 160%, de las respectivas dosis letales medias.

Por otra parte, células CHO tratadas con una dosis de 0,1 µg/ml de Endrin exhibieron un aumento significativo de puentes de cromatina en anafase-telofase.

Estos resultados indican que tanto Endrin como Thiram poseen propiedades clastogénicas, induciendo rupturas cromosómicas en condiciones in vivo, aunque Thiram sólo actúa en dosis elevadas. Además, Endrin induciría adhesividad cromosómica, dada la capacidad de incrementar la frecuencia de puentes de cromatina

**ANÁLISIS ULTRAESTRUCTURAL DEL SISTEMA SEXUAL X,X,X<sub>0</sub> DURANTE LA ESPERMATOGÉNESIS DE TEGENARIA DOMESTICA** (ARACHNIDA). (Ultrastructural analysis of the X,X,X<sub>0</sub> sex system during the spermatogenesis of Tegenaria domestica, Arachnida). *Papa, M.F.; Benavente, R.; Wettstein, R.* - Div. Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas C. Estable, Montevideo, Uruguay.

Se presenta un estudio analítico del comportamiento de los cromosomas sexuales (Cr S) de la araña *Tegenaria domestica* durante la espermatogénesis. - Se utilizaron machos adultos de *T. domestica* procesados de acuerdo a las técnicas usuales de ME. En estadios tempranos los cromosomas se localizan próximos a la membrana nuclear, presentando la cromatina un alto grado de condensación. Durante el Paquiteno, los CrS se aparean longitudinalmente. Reconstrucciones 3 D de cortes seriados muestran que cada CrS está constituido por un eje central de cromatina condensada, del que se proyectan prolongaciones laterales (PL). Estas se interconectan con PLs similares de ambos cromosomas vecinos. Próximos a la MN, los ejes de los 3 CrS se fusionan en un corto segmento. - Durante el Diploteno, se mantiene el apareamiento y la interconexión entre los CrS, constatándose una disminución de las PLs. - La zona de fusión de los ejes podría corresponder a la zona centromérica de los CrS, ya que se observa a ese nivel una constricción en el contorno de los CrS. En metafase I, cada CrS aparece subdividido en dos unidades conservándose su interconexión. En citos II y espermatidas se reconocen los CrS, pues mantienen su condensación diferencial.

\* Apoyado por el PRDC y T de OEA y ME y C (Uruguay).

**HERANÇA DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS EM *Heliconius erato* (LEPIDOPTERA, NYMPHALIDAE)** (Inheritance of quantitative traits in *H. erato*). *PANSERA, M.C.G. e ARAÚJO, A.M.* Dept<sup>o</sup> de Genética. UFRGS - Porto Alegre Brasil.

Devido à grande uniformidade nos padrões fenotípicos de *Heliconius erato*, tem sido difícil estudá-los sob o ponto de vista genético. Como o padrão de coloração varia entre as sub-espécies, apenas através de cruzamentos inter-raciais tem sido possível determinar a genética de certas características. Na sub-espécie *phyllis*, há um caráter que tem se mostrado variável: o número de pontos vermelhos sob a barra amarela das asas posteriores (red raylets); estes variam de 1 a 7. O presente trabalho se desenvolve no Parque do Turvo (Rio Grande do Sul) na fronteira com a República Argentina e o estado de Santa Catarina. Os dados obtidos desde julho/79 até fevereiro /81, referentes às distribuições de frequência daquela variável, são os seguintes: 1. não há diferenças significativas entre machos e fêmeas; 2. ocorrem diferenças significativas entre locais e no mesmo local, ao longo do tempo (meses do ano) neste último caso, não parece haver variações cíclicas; 3. o valor modal é, na maioria dos casos, cinco pontos, sendo a outra moda tres pontos. Para a análise da herdabilidade foram realizados 21 cruzamentos em insetário, dos quais apenas 9 puderam ser aproveitados. Utilizando-se os coeficientes de regressão, a herdabilidade foi estimada em 0,74, enquanto os valores obtidos através da análise da variância foram maiores, cerca de 1,00. O uso dos "red raylets" é importante em investigações de genética ecológica, já que pode ser utilizado como um marcador de fácil verificação.

**ESTUDIO DE DOS ESPECIES DE CASIDINOS (COLEOPTERA, CHRYSOMELIDAE) PERTENCIENTES A LA TRIBU STOLAINI CON CROMOSOMAS SEXUALES MUY DISTINTOS.** (Two species of Stolinae Cassidines with very different sex chromosomes). *Panzera, Fco.; Mazzella, M. y Vaio, E.S.* de. Dpto. de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Mayor de la República, Montevideo, Uruguay.

Se estudió y comparó el cariotipo de dos especies de casidinos. *Botanochara bonariensis* Boh. (2n=44♂) posee 20 bivalentes autosómicos y cromosomas sexuales múltiples. *Stolas lacordairei* Boh. (2n=30♂) tiene 14 bivalentes autosómicos y el mecanismo sexual X<sub>y</sub>, típico de los Coleópteros.

Se empleó la técnica clásica del aplastado, seguida de coloración con orceína acética láctica para el estudio de los cromosomas.

Las especies de casidinos conocidas poseen cariotipos conservadores que no se apartan mucho del cariotipo básico propuesto para Coleoptera. Dentro de la tribu Stolinae, a la que pertenecen las especies estudiadas existen: 1) Especies con el cariotipo conservador, en el género *Chelymorpha*, 2) *Stolas lacordairei* con un número alto de autosomas casi todos metacéntricos y un mecanismo de determinación del sexo, primitivo. 3) Finalmente las especies del género *Botanochara* presentan un número alto de autosomas, muchos de ellos telocéntricos y cromosomas sexuales múltiples. Se discuten las posibles tendencias en la evolución de estos cariotipos.

EFEITOS DE HJ SOBRE O CORPO GORDUROSO DE OPERÁRIAS, ZANGÕES E RAINHAS DE *Apis mellifera*. Z.L. Paulino-Simões (Faculdade de Filosofia Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Brasil); A.M. Bonetti (Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Brasil); V.M.M. Gimenez e M.A. Rodrigues (Faculdade de Filosofia Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Brasil).

O hormônio juvenil, produto dos *corpora allata*, é um hormônio capaz de estimular diversos processos associados com a maturação dos ovários, incluindo a síntese de vitelogenina pelo corpo gorduroso (Brookes, 1969; Engelmann, 1969; Koepe e Ofengand, 1976) síntese de DNA pelo epitélio folicular que circunda o oócito terminal (Koepe e Welman, 1980) e síntese de proteínas pelos ovários em fêmeas virgens e vitelogênicas.

Foi observado, também, em *Locusta migratória* (Nair et al., 1981) uma poliploidização do DNA nos núcleos de células do corpo gorduroso, em resposta ao tratamento com HJ.

Nas fêmeas vitelogênicas de *Apis mellifera* foi verificado alta síntese de vitelogenina (Engels, 1972), enquanto que os machos apresentam apenas vestígios dessa proteína na hemolinfa (Paulino-Simões, 1980).

Sendo o sexo, em abelhas, determinado pelo balanço entre genes masculinizantes e feminizantes, o presente trabalho se propôs verificar o efeito da aplicação tópica dos HJ I e III sobre o controle gênico da síntese vitelogênica nos diferentes sexos e castas.

Fêmeas vitelogênicas (rainhas e operárias de diferentes idades) apresentam células de gordura com volume nuclear característico de células com alta taxa de síntese protéica.

Foi verificado aumento do volume nuclear das células de gordura do corpo gorduroso em machos recém-emergidos, tratados com HJ I e III nas fases de larva de 5º estágio e pupa de olho branco, quando comparados com machos não tratados e fêmeas não vitelogênicas.

Os resultados sugerem que o HJ é capaz de ativar genes feminizantes presentes nos machos.

EFEITOS DA IRRADIAÇÃO GAMA NO DESENVOLVIMENTO EMBRIONÁRIO DE *Apis mellifera*. A.E.E. Soares (Departamento de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Brasil); Z.L. Paulino-Simões, V.M.M. Gimenez e M.A. Rodrigues (Faculdade de Filosofia Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Brasil).

As radiações ionizantes, principalmente as dos tipos X e gama tem se mostrado como agentes altamente efetivos para proporcionar o aparecimento de mutações letais dominantes e recessivas em células germinativas. A manifestação desses letais pode ser devido a uma alteração de síntese proteica, como também ao aparecimento de malformações embrionárias.

No presente trabalho, nos preocupamos em analisar as malformações induzidas por irradiação gama e de Co60 em embriões de *Apis mellifera*, provenientes dos seguintes tipos de cruzamentos:

- rainha irradiada com 2000 R x zangões normais
- rainha irradiada com 3000 R x zangões normais
- rainha normal x zangões irradiados com 2000 R
- rainha normal x zangões irradiados com 3000 R

Os nossos resultados mostraram que as principais alterações que ocorrem são a) aparecimento de embriões anômalos; b) não formação da blástula; c) aglomerado de núcleos, sem contudo ocorrer diferenciação dos tecidos.

Esses efeitos embora ocorram nos embriões provenientes dos diferentes tipos de cruzamento, eles são ligeiramente diferentes quanto a sua expressividade.

Quando analisamos embriões produzidos pelas rainhas irradiadas, observamos que a maior intensidade de malformações ocorre nos ovos obtidos entre a 2ª e 3ª semana após irradiação e que depois essa frequência começa a diminuir gradativamente, chegando quase ao normal.

Quando analisamos os embriões dos cruzamentos onde os zangões eram irradiados, observamos que a expressividade dessas malformações é alta desde o início e se mantém mais ou menos constante. Isto mostra também a diferença de sensibilidade entre os espermatozoides, óvulos e oogônias, quanto a irradiação.

Esses resultados obtidos por irradiação são semelhantes aos obtidos em embriões provenientes de cruzamentos com alto grau de endocruzamento ( $F = 0,45$ ).

POLIMORFISMO DE LAS HEMOGLOBINAS EN DOS ESPECIES DE PECES-SAPO DE LA FAMILIA BATRACHOIDIDAE.

(Hemoglobin polymorphism in two species of toadfish of the Batrachoididae family). Pérez J.E. Instituto Oceanográfico, Univ. Oriente, Cumaná, Venezuela.

La presencia de polimorfismos en las hemoglobinas de los peces es un hecho frecuente y bien establecido, no así su significado biológico. En un intento por comprender los mecanismos de mantenimiento y el origen genético de estos polimorfismos, hemos emprendido su estudio en dos especies de peces-sapo: *Thalassophryne maculosa* y *Batrachoides manglae*.

En dos poblaciones de *B. manglae* y en tres poblaciones de *T. maculosa* colectadas en las costas orientales de Venezuela, mediante electroforesis en geles de policrilamida hemos detectado polimorfismos; además por espectrofotometría se ha estudiado la afinidad por el oxígeno a diferentes temperaturas y el efecto Root de los diversos fenotipos.

Los resultados para *B. manglae* son hasta el momento de difícil interpretación, el polimorfismo es muy complejo, ya que cada uno de los fenotipos presenta hemoglobinas múltiples. Para *T. maculosa*, por el contrario, el polimorfismo es muy sencillo, se caracteriza por tres fenotipos: los dos homocigotos presentan una hemoglobina (de diferente migración) mientras que el heterocigoto posee las dos hemoglobinas. El análisis funcional revela diferencias bastante apreciables entre los tres fenotipos.

Se discute el posible origen, el mecanismo de mantenimiento y las ventajas de estos polimorfismos.

MOSAICO 45XO/49XYYY EN VARON CON SINDROME DE TURNER. (45,XO/49,XYYY mosaicism with male Turner phenotype). Pincheira, V.J.\*., Bustos, O.E., Pumarino, H. y Santos, A.M.\*\*. Unidad de Citogenética, Depto. Biología Celular y Genética, Fac. de Medicina, U. de Chile Pontificia Univ. Católica.\*\*

Se reporta y discute el caso de un individuo varon con fenotipo Turner y complemento cromosómico 45,XO (98,8%) y 49,XYYY (1,2%). Entre las hipótesis postuladas para explicar la masculinización observada en individuos con fenotipo Turner y constitución cromosómica 45,XO, está la existencia de un mosaico no detectado involucrando la línea celular portadora de Y. La detección en este caso de una frecuencia tan baja para la población celular portadora de Y, constituye un antecedente que respalda la hipótesis mencionada. Además, considerando los antecedentes citogenéticos del probando y los existentes en la literatura sobre casos similares, se proponen tres posibles mecanismos que pudieren estar involucrados en el origen de este tipo de mosaicos: a) no disyunción en la gametogénesis del padre del probando y en las primeras divisiones del cigoto, b) 2 no disyunciones sucesivas en el cigoto probando y c) alteración a nivel del centrómero del Y, que determina no disyunciones sucesivas de algunas poblaciones celulares portadoras de Y.

\*Proyecto Especial de Citogenética OEA-CHILE y B-517 SDCACI, Universidad de Chile.

LA ISONIMIA COMO INDICADOR DE CONSANGUINIDAD Y ENDOGAMIA. (Isonymy as indicator of consanguinity and endogamy). Pinto-Cisternas, J(\*), M.C. Castelli(\*,\*\*) L. Pineda(\*,\*\*). \*Laboratorio de Genética Humana, IVIC; \*\*Departamento de Biología Celular, USB; \*\*\*Unidad de Genética Médica, LUZ, Venezuela.

La isonimia (I) de una pareja ha servido para estudiar diversos aspectos de la estructura de un grupo humano. Ahora se desea probar hasta que punto la I refleja los verdaderos niveles de consanguinidad y endogamia. Los datos analizados son todos los matrimonios (N=973) celebrados en la parroquia de Los Teques (LT) entre 1790 y 1869. Cada pareja fué clasificada según su tipo de matrimonio: consanguíneo (C), no consanguíneo (NC); Lugar de nacimiento: ambos, uno o ninguno nacido en LT; e I: simple (IS) dos apellidos iguales: clase 1, los paternos, clase 2, los maternos, clase 3, el paterno del esposo con el materno de la esposa, clase 4, lo inverso de clase 3; múltiple (IM) tres apellidos iguales: clases 1-4, 1-3, 2-4, 2-3. Existen 116 parejas I, 95 IS y 21 IM, de las que 67 y 17 son C respectivamente. De todas las parejas C sólo 37 son primos hermanos (PH), el resto tiene una relación de parentesco distinta. Además de 51 parejas IS (C,NC) 39 eran LT. Los valores del coeficiente de consanguinidad promedio ( $\alpha$ ), considerando: a) a todas las parejas I como PH, b) sólo a las I clase 1 como PH, c) sólo a las I clase 2 como PH, son: 0,0074, 0,0076 y 0,0061 respectivamente, mientras que los % de C son: 12, 12 y 10. Al compararlos con los valores verdaderos: 0,0050 y 18, se ve que la I sobrevalora  $\alpha$  y subvalora el %. Sin embargo, el procedimiento c) parece el más adecuado para calcular  $\alpha$ , tal vez por que las parejas I clase 2 son todas PH. Se calculó también el valor de F para I, según Crow y Mange, el valor encontrado está alrededor del F para PH y medio. Para endogamia en cambio, la I parece ser un buen indicador indirecto.

ESTRUCTURA GENÉTICA DE UNA POBLACION VENEZOLANA: QUIBOR. (Genetical structure of Quibor, a Venezuelan population). Pinto-Cisternas, J. y E. Zimmer. Laboratorio de Genética Humana, IVIC, Caracas, Venezuela.

Conocer la estructura genética (EG) de una población sirve para explicar aspectos de genética clínica en ella, tales como la persistencia, localización y alta frecuencia de una enfermedad mendeliana recesiva autosómica rara. En ese sentido se describe la EG de Quibor (Q), usando datos de los progenitores (P) y abuelos (A) de una muestra al azar de 376 escolares que equivalen al 12% de la población estudiantil de Q. Se usaron las siguientes variables: a) distribución de los apellidos de los A (APA); b) isonimia de los P y A (IP, IA), clasificada en 4 tipos: 1) apellidos paternos iguales, 2) apellidos maternos iguales, 3) apellido paterno del varón igual al materno de la mujer; 4) lo inverso de 3); c) distancia de Q al lugar de nacimiento de los A (DQ); y d) índice de exogamia (Freire-Maia, '62) para P y A (IEP, IEA).

Se encuentra que: a) aunque APA es muy heterogénea, 11 apellidos abarcan al 46% de las personas que son A paterno y al 36% de las personas que son cualquiera de los otros 3 A; b) los tipos 1, 2, 3 y 4 de IP tienen una frecuencia de 4, 8, 5 y 3%, siendo sólo los tipos 2 y 3 significativamente más frecuentes que lo esperado por azar. El tipo 1 de IA en A paternos y maternos tiene una frecuencia de 12 y 5% respectivamente; c) para DQ los A se distribuyen así: DQ igual a cero, 45%; DQ 1-10 Km, 17%; DQ 11-20 Km, 22% y DQ mayor de 20 Km, 16%; y d) el IEA es igual a 29% y el IEP a 42%.

Estos resultados indican que pese a que en Q la endogamia ha descendido de A a P, existe aún una tendencia fuerte a la misma, que debe causar una homogeneidad biológica no despreciable de su población, hecho que debe ser considerado en el estudio de enfermedades recesivas raras en ese lugar.

ESTUDIO DE ALELOS DEL SISTEMA T EN POBLACIONES NATURALES DE MUS MUSCULOS (An study of T system alleles in natural populations of Mus musculus).

Pizarro O., Vergara U., Zuñiga C. Unidad de Biología, División Ciencias Médicas Occidente, Facultad de Medicina - Universidad de Chile, Santiago.

Se estudia la organización genética del cromosoma 17 del ratón doméstico, en tres poblaciones naturales chilenas de Temuco, San Fernando y Chena.

En este cromosoma se encuentran dos sistemas genéticos complejos: H-2, que es el sistema mayor de histocompatibilidad y el sistema T que condiciona numerosas anomalías, por ejemplo, distorsión de la segregación gamética en los machos, letalidad, etc..

Se han estudiado tres alelos del sistema T encontrados en las poblaciones mencionadas. Se discute la interacción de estos alelos entre sí y de cada uno de ellos con el alelo T, el dominante de la serie, y con el cual producen compuestos viables y sin cola.

Financiado por la Universidad de Chile, Proyecto B-730-8123

EFEITO DO GENE *bin-1* DE *Aspergillus nidulans* EM HETEROCÁRIOS E EM DISSÔMICOS. (The gene *bin-1* effect in heterokaryons and disomics of *Aspergillus nidulans*). Pizzirani-Kleiner, A.A., Azevedo, J.L. Setor de Genética de Microrganismos. Instº Genética, ESALQ/USP. Piracicaba, SP, Brasil.

O fungo *A. nidulans* possui hifas septadas multinucleadas e conídios uninucleados. Um mutante espontâneo que produz conídios uni, bi e trinucleados foi isolado a partir da linhagem MSE (haplóide, branca) e mapeado no grupo de ligação IV, gene *bin-1*. O efeito desse gene foi estudado em heterocários entre as linhagens MSE *bin* e *proA1 pabaA6 yA2* (amarela) determinando-se os tipos de conídios para cada um dos componentes do heterocário. A linhagem *proA1 pabaA6 yA2*, originalmente uninucleada, no heterocário possui uma pequena porcentagem de conídios bi e trinucleados enquanto que na MSE *bin* essas porcentagens são diminuídas, evidenciando um efeito não-autônomo do gene *bin-1*. O efeito do gene *bin-1* na instabilidade de dissômicos foi verificado pela frequência de colonias haplóides provenientes de conídios dissômicos. Os dissômicos testados foram obtidos das linhagens MSE e MSE *bin* para os grupos de ligação III e IV. Dissômicos que possuem conídios multinucleados são, aproximadamente, cinco vezes mais instáveis que os seus correspondentes com conídios uninucleados. Essa maior instabilidade pode ser explicada pelo próprio número adicional de núcleos nos conídios, necessitando de um número maior de divisões nucleares e aumentando assim a chance de perda do cromossomo adicional. (FAPESP, CNPq).

SISTEMAS SEXUALES  $X_{yp}/X_{pneo}X_{neoY_p}$  EN COLEOPTERA. SU ESTRUCTURA Y ASOCIACION DURANTE LA MEIOSIS. ( $X_{yp}/X_{pneo}X_{neoY_p}$  sex-systems in beetles. Their structure and association during meiosis). Postiglioni, A. y Brum Zorrilla, N. División Citogenética. IIBCE. Montevideo, Uruguay.

Se ha sostenido que la asociación del sistema sexual típico dentro de los Coleópteros es mediante nucléolo, encontrándose únicamente el mismo asociado a un bivalente autosómico en aquellos sistemas sexuales derivados del  $X_{yp}$ .

Analizando el ciclo nucleolar durante la profase meiótica de dos especies, *-Chelymorpha variabilis* ( $10II+X_{yp}$ ) y *Botanochara angulata* ( $48II+X_{pneo}X_{neoY_p}$ ) hemos localizado las regiones organizadoras nucleolares sobre un bivalente autosómico, no encontrándose asociación de éste con los sistemas sexuales.

El hallazgo en profase meiótica de sistemas sexuales elongados y abiertos por uno de los extremos del "paracaídas", nos han permitido localizar bloques centroméricos y teloméricos empleando diferentes técnicas. Basándonos en estos elementos hemos correlacionado los promedios de índices centroméricos del cromosoma X en metafases goniales ( $n=10$ ) con el cromosoma X del paracaídas abierto en profase meiótica ( $n=12$ ) de *C. variabilis* ( $t=0.65$ ), así como el tamaño relativo del cromosoma  $y_p$  ( $t=0.89$ ). Estos datos son estadísticamente no significativos ( $P>0.05$ ).

De acuerdo a los resultados citológicos y estadísticos encontrados en la especie con sistema sexual  $X_{yp}$  nos inclinamos a postular que las asociaciones de estos dos cromosomas estarían mediados por heterocromatina telomérica, la que mantendría una correcta segregación de los cromosomas sexuales en la meiosis.

Apoiado por P.R.D.C. y T.de O.E.A. y Ministerio de Educación y Cultura. Uruguay.

MEIOSIS EN HEMBRAS DIPLOIDES Y POLIPLOIDES DE ANUROSA (ANFIBIOS) DE AMERICA DEL SUR. (Meiosis in diploid and polyploid females in South American Anurans). Rahn, M. y Martínez, A. Centro de estudios Farmacológicos y de Principios Naturales (CEFAPRIN). Serrano 661, 1414 Buenos Aires, Argentina.

El análisis de la meiosis en hembras diploides ( $2n=26$ ) y octoploide ( $2n=104$ ) en *Ceratophrys ornata* y diploides ( $2n=22$ ) y tetraploides ( $2n=44$ ) de *Odontophrynus americanus* mostró que los diploides en ambas especies poseen una media de la frecuencia de quiasmas por brazo apareado mayor que aquella observada en los poliploides, lo que significa una disminución del nivel de recombinación en los poliploides con respecto a los diploides del mismo sexo. Además la media de la frecuencia de quiasmas por ovocito es significativamente mayor en las hembras que en los machos. Esto está también relacionado con la posición de los quiasmas, ya que los mismos, tanto en los poliploides de ambos sexos como en los machos diploides son terminales mientras que en las hembras de este último nivel de ploidía son intersticiales. La diferencia en el nivel de recombinación entre los sexos de los diploides y el cambio del mismo luego de la poliploidización en las hembras sugieren cambios intraespecíficos del control genético del apareamiento.

ANTICUERPOS NATURALES DE BOVINOS CRIOLLOS. SON MARCADORES GENETICOS SANGUINEOS? \* Quinteros I.R. (1,2), Tejedor E. (1), Miller W. (3), de Ruiz A.A. (1), Dominguez T. (1), Ramina A. (1). 1) Inst. Inmunoge. Anim. y Genét. FCV, UNLP, Argentina. 2) Director del IDIAGE, 3) Depart. of Genetics, Iowa State Univ., USA. \*) Subsidios SECYT, CAPPTA. Material muestra o de EEA (INTA), Balcarce (Dpto. Prod. Animal).

Los "anticuerpos naturales" del suero en Bovinos Criollos, orientan otra pauta de los Marcadores Genéticos Sanguíneos, para Identificación y Preservación de su Germoplasma. Se trabajó con dos rodeos de 82 Bovinos Criollos. Metodología: a) Extracción de sangre de cada animal por vía yugular, b) Tipificación sanguínea por el "Método Hemolítico" - con fijación de Complemento, c) Especificidad de los Inmunsueros Naturales "anti-factores sanguíneos", por "absorciones" con eritrocitos bovinos de Grupos Sanguíneos conocidos. Se detectaron anti-J, anti-V, etc. La frecuencia de animales genéticamente portadores en estos Rodeos Criollos, fué de -- 43,9 %. Esta condición genética esta asociada al Sistema J "negativo", también comprobado en Hereford (36,62 %) y raza Canchim - de Brasil (51,72 %). Se discute si los anticuerpos naturales representarían un nuevo tipo de Marcadores Genéticos.

PATRON DE BANDEO C EN CULTIVARES DE CENTENO ARGENTINO (SECALE CEREALE L.) (C-banding pattern in argentinian rye cultivars. Secale cereale L.) Ramirez, C.L., M.C. Cermeño y J.R. Lacadena Depto. Genética. Fac. Biología, Univ. Complutense de Madrid.

La importancia genética que implica el conocimiento de los cromosomas, permite establecer el cariotipo de un individuo, de una especie y por tanto de taxones de jerarquía superior ya que hace posible el estudio de alteraciones y cambios cromosómicos estructurales sólo detectables con técnicas de bandedo.

Se ha elegido como material de estudio, diferentes cultivares de centeno argentino (Secale cereale L.) cuyo patrón de bandedo se desconoce; realizando squash de puntas de raicillas en alcohol acético 45%.

Los cubreobjetos se separaron del portaobjetos con nieve carbónica tiñéndose con Giemsa según la técnica de Giráldez, Cermeño y Orellana (1979). Se identificaron los cromosomas según sus bandas características. Se discuten las posibles homologías y diferencias entre líneas consanguíneas de centeno español y cultivares argentinos.



*Gh*, UN ANTIGENO DE GRUPO SANGUINEO Y DEL SUERO, LIGADO A H-2 DEL RATON. (*Gh* a mouse blood group and serum antigen linked to H-2). Ramos, A., Gajardo, M., Hoecker, C. Fac. Medicina, División Ciencias Médicas Norte, Depto. Biol. Cel. y Genética, U. de Chile.

Los antígenos clásicos del sistema H-2 del ratón son proteínas integrales de membrana excepto el antígeno H-2.7 que es un alotipo de C4d del complemento que se expresa como un grupo sanguíneo al ser adsorbida a la membrana de los glóbulos rojos.

Describimos aquí un nuevo componente sérico, *Gh*, que se comporta como un grupo sanguíneo "público" en forma semejante a la de H-2.7.

*Gh* está presente en los haplotipos H-2<sup>d</sup>, H-2<sup>b</sup>, H-2<sup>k</sup>, H-2<sup>q</sup>, H-2<sup>d</sup>; y ausente en H-2<sup>d</sup>. Hemos comprobado que *Gh* está determinado por un locus ligado a H-2.

Empleando tanto técnicas de inhibición de hemaglutinación como de inducción de anticuerpos demostramos que *Gh* es un antígeno sérico. *Gh* es HANAP para el haplotipo H-2<sup>b</sup> siendo H-2.7 HANAP para H-2<sup>k</sup>.

Las especificidades antigénicas *Gh* y H-2.7 son independientes genética e inmunológicamente habiendo cepas *Gh*<sup>-</sup>/H-2.7<sup>-</sup>; *Gh*<sup>+</sup>/H-2.7<sup>+</sup> y *Gh*<sup>+</sup>/H-2.7<sup>-</sup>. Sin embargo, *Gh* y H-2.7 presentan una relación poco usual: los sueros anti-*Gh* y anti-7 pierden simultáneamente ambas especificidades al ser absorbidos con tejidos de ratones *Gh* positivos y H-2.7 negativos. El fenómeno es específico lo que sugiere que *Gh* es un alotipo de C4 ubicado en otro péptido que C4d, por tanto, un alotipo de S4. Financiado Proyecto: B. 421-81.34. S.D.C.A. C.I., Universidad de Chile.

HERDABILIDADE DA IDADE À PRIMEIRA CRIA DE BOVINOS DA RAÇA GIR. Ramos, A. de A.\*; Moura Duarte, F.A.\*\* e Packer, I.U.\*\*\*. \* Depto Prod. e Expt. Anim. da F.M.V.Z. de Botucatu - UNESP; \*\* Depto de Gen. e Mat. Apl. a Biol. da F.M.R.P. - Ribeirão Preto - USP e \*\*\* Depto de Zoot. da E.S.A.L.Q - Piracicaba - USP.

A idade à primeira cria dos bovinos leiteiros constitui numa das mais importantes características reprodutiva, principalmente, pelo valor econômico que representa e pelas diversas indicações que oferece, tanto para a eliminação de animais tardios como nas mudanças requeridas na prática do manejo reprodutivo.

Abase genética da variação dessa característica, dentro e entre rebanhos precisa ser estimada, dado ao seu alto valor econômico e aos outros objetivos a serem alcançados. As estimativas de herdabilidade obtidas por diversos pesquisadores oscilam de zero a 0,74. Alguns desses estudos apresentam valores altos obtidos inexplicavelmente de rebanhos com grande número de observações. Nesse estudo objetiva-se estimar a herdabilidade da idade à primeira cria, através de três modelos de análise de variância pelos quadrados mínimos, programados por HARVEY (1970), sendo touro a variável aleatória e mês e ano de nascimento fixas. O material utilizado compreendeu 587 observações de novilhas, filhas de 30 touros, observados em 15 anos, num rebanho da raça Gir no Estado de São Paulo.

A idade média à primeira cria foi 1.550,90 ± 10,29 dias e C.V. = 20,82%. As estimativas obtidas segundo os modelos estudados foram respectivamente: 0,069 ± 0,078; 0,735 ± 0,188 e 1,206 ± 0,252. Estes valores indicam além de um aumento do parâmetro à medida que se excluiu as variáveis independentes de tempo, mês e ano de nascimento, a existência de confundimento entre essas variáveis e a época em que se efetuaram as coberturas das novilhas.

PRIMEIRA CLASSIFICAÇÃO DOS TOUROS REPRODUTORES DA RAÇA GUZERÁ POR MEIO DE ÍNDICES SINTÉTICOS. (First Classification of Guzerat Bulls by Synthetic indexes). Rauneli Sander José - Departamento de Zootecnia - CCA Universidade Federal da Paraíba - Brasil.

Os índices sintéticos são um critério de classificação dos reprodutores em função de suas características produtivas, que vão a indicar o uso de um determinado reprodutor para melhorar ditas características dentro de uma determinada população.

Para o presente trabalho se utilizaram 4 reprodutores da raça Guzerá e 80 descendentes, utilizando 3 índices sintéticos (citados de Negrutiu e Petre, 1975): 1)  $I = W + 72R$ ; 2)  $I = 0,56W + 18,64R - 0,73F - 587E$ ; 3)  $I = 0,162W + 1,89P_1 + 2,99P_2 + 27,29R$ ; onde W = peso a desmama por lote; R = ganho de peso diário por lote, durante o período de engorda; F = número de dias necessários para atingir o abate; E = capacidade de valorização dos alimentos; P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub> = Pontagem para conformação corporal ao início e ao final do período de engorda. Estes índices nos medem 3 caracteres econômicos que são peso à desmama, capacidade de engorda e conformação corporal. De acordo com os resultados obtidos todos os reprodutores tiveram uma classificação boa para pesos a desmama e conformação corporal; sendo negativos para capacidade de engorda devido a que são classificadas por suas características fenotípicas sem ter em conta as características genótípicas e se são transmissíveis a sua descendência, afetando desta maneira os aspectos econômicos por que este índice nos indica a precocidade e desenvolvimento de dos produtos destes reprodutores.

DISOCIACION DE LINEAS DERMATOGLÍFICAS PALMARES EN INDIVIDUOS NORMALES Y DEFICIENTES MENTALES. (Ridges dissociation of palm dermatoglyphics, in normal individuals and mentally retarded patients).

Reyes, J., Zambra, E., Sotomayor, E., Hernandez, D., Ríos, M.C. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso.

Estudios previos han demostrado un grado mayor de disociación de las líneas que constituyen las impresiones dermatoglíficas digitales y palmares de pacientes con diagnóstico clínico de Esquizofrenia, respecto a individuos normales. El presente trabajo pretende ampliar nuestra información previa, considerando antecedentes familiares y un número mayor de pacientes con esta debilidad mental.

Se analiza una muestra de 95 pacientes diagnosticados como Esquizofrénicos crónicos (63 hombres y 32 mujeres) internados en el hospital psiquiátrico de Putaendo; 51 pacientes con igual diagnóstico (41 hombres y 10 mujeres) del hospital sanatorio de Puente Alto, y 520 escolares "normales" (270 hombres y 250 mujeres) de la ciudad de Valparaíso, Chile.

Se mantienen las diferencias significativas en la disociación de líneas palmares, entre individuos normales (2.73%), y deficientes mentales (33.56%).

Los antecedentes familiares reunidos en individuos esquizofrénicos, permitirían postular una asociación relativa entre línea disociada y debilidad mental. El rasgo en particular podría heredarse en forma dominante o bien presentarse en forma esporádica, sin causa genética aparente.

DISTRIBUCION DE FIGURAS DERMATOGLIFICAS DIGITALES Y PALMARES EN DOS POBLACIONES CHILENAS. (Distribution of digital and palmar dermatoglyphic patterns in two Chilean population. Reyes, J., Zambra, E., Campuzano, C. y Orrego, G. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso.

Las figuras dermatoglíficas constituyen una herramienta complementaria en genética de poblaciones humanas, para diferenciarlas étnicamente. La presente comunicación pretende mostrar la distribución de las impresiones dermatoglíficas digitales y palmares en las poblaciones chilenas de Valparaíso y Puchuncaví, comparando los resultados obtenidos, con otras poblaciones chilenas.

Se analiza una muestra de 520 escolares de enseñanza básica de la ciudad de Valparaíso (270 hombres y 250 mujeres) y 267 escolares de la comuna de Puchuncaví (135 mujeres y 132 hombres).

En ambas poblaciones, se encuentran diferencias intersexuales estadísticamente significativas en la distribución de figuras digitales ( $\chi^2 = 12.48$   $0.001 < P < 0.01$  para Valparaíso y  $\chi^2 = 9.53$   $0.001 < P < 0.01$  para Puchuncaví). Este dimorfismo, no es tan categórico en los rasgos: índice de intensidad de figuras, conteo de líneas digitales y porcentaje de simetría. En relación a figuras palmares, se observa mayor frecuencia de figuras tenares (21.78%) y menor de hipotenares (12.91%) en Puchuncaví respecto a Valparaíso, (16.93 y 28.47 respectivamente). En cuanto a figuras interdigitales y trirradio basal c, los valores son relativamente semejantes.

En general los resultados obtenidos no señalan diferencias notables, entre ambas muestras, lo que podría indicar un grado mayor de similitud genética entre ambas poblaciones y otras étnicamente mixtas chilenas.

INVESTIGACION SOCIAL EN UN CONSULTORIO DE GENETICA MEDICA. (Social Research in Medical Genetic Service). Lucia Rivera, Servicio de Genética. Hospital J.J. Aguirre. Facultad de Medicina, Universidad de Chile - Santiago.

En países con grandes poblaciones de bajo nivel económico-social, en las familias que llevan el lastre de una enfermedad genética se acentúan las deficiencias culturales y económicas, contribuyendo a la miseria familiar. Objeto de este trabajo: evaluar la experiencia en 130 familias atendidas en el Servicio entre 1980-1981. Motivo de consulta: Enfermedad Genética 71,3% y Riesgo de Recurrencia 17,0%. Referidos en el 93,8% por médicos de Hospitales públicos.

Distribución de tipos de enfermedades genéticas: Monogénicas 52,2%; Cromosómicas 26,0%; Congénitas y Poligénicas 21,8%. Estudio Social en 64 familias: 65% clase obrera. Se realizaron en promedio 5 diligencias por familia, (entrevistas personales, visitas domiciliarias, trámites administrativos, etc.).

Beneficios directos: favorecieron al 75% de las familias (Pensión Invalidez, Doble Asignación Familiar, Donaciones Privadas, Asistencia Médica Gratuita).

Nuestra experiencia concluye que: la asistencia e investigación social deben ser parte integrante de un Servicio de Genética Médica, especialmente en países en desarrollo, donde la mayoría de las familias que acude a los Hospitales requiere de Servicio de apoyo social.

ESTUDIOS EXPERIMENTALES SOBRE COMPETENCIA DE DROSOPHILA SUBOBSCURA AL ESTADO PREADULTO (Experimental studies on competition in *Drosophila subobscura* during preadult stage). Ricci, M., Budnik, M. y Brncic, D. Depto. de Ciencias, Fac. de Medicina, U. de Valpo. y Depto. de Biol. Cel. y Genética, Fac. de Medicina, U. de Chile, Stgo.

Debido a la reciente colonización de *Drosophila subobscura* Collin in Chile, se consideró de interés estudiar experimentalmente el efecto del componente de explotación y de interferencia sobre la biomasa, la velocidad de emergencia y la viabilidad huevo-adulto.

En tubos conteniendo 10 cc de medio de cultivo, se sembraron diferentes cantidades de huevos embrionados de *D. subobscura* y se dejaron desarrollar a 18°C y 22°C. Se observó una relación directa entre el número de larvas por tubo y la duración del tiempo de desarrollo. En cambio, la relación entre viabilidad, biomasa y densidad no fue lineal y dependió de la temperatura. La especie mostró tener mayor viabilidad y biomasa a 18°C que a 22°C.

Estos hechos, se podrían correlacionar con la observación de que la mayor abundancia de esta especie en Chile, se encuentra en las zonas más frías.

(Financiado Proyecto B 729-812-5 U. de Chile)

NEUROFIBROMATOSIS EN PUERTO RICO. Rivera, L. y Toro, M.A. Servicios de Neurología y Genética Médica, Depto. de Pediatría. Hospital Municipal de San Juan, Centro Médico de Río Piedras, Puerto Rico.

Hemos evaluado un total de 25 pacientes en los últimos 5 años por Neurofibromatosis. Destacamos lo siguiente de la data obtenida:

I. Un alto porcentaje de nuestros casos fueron diagnosticados de manera incidental, cuando visitaron las clínicas pediátricas por otra sintomatología. Al presentar más de 5 manchas "café-au-lait" y/o pecas axilares, fueron evaluados, demostrando morbilidad significativa, como lo era una alta incidencia de escoliosis y retardación mental de leve a moderada. El 50% de los casos tenían herencia autosómica dominante.

II. No podemos considerar la Neurofibromatosis como entidad necesariamente benigna ya que encontramos una hembra de 7 años con una masa abdominal de gran tamaño e inoperable; un varón de 14 años con hidrocefalia severa secundaria a compresión por fibroma cerebral y una hembra de 2 años con clitoromegalia como primer síntoma.

Es nuestro propósito al presentar este trabajo, enfatizar la importancia que en la edad pediátrica tiene la presencia de manchas patognomónicas. Las lesiones en piel son en muchos casos, la única clave para diagnosticar la enfermedad en la edad pediátrica. Hemos establecido un protocolo para la evaluación periódica de estos pacientes, para mirar a descubrir tumores y otras complicaciones, planificando el cuidado médico de manera preventiva y orientando genéticamente a estas familias con riesgo de recurrencia.

EXPRESION EN *ESCHERICHIA COLI* K-12 DE UNA ENZIMA DE *STREPTOCOCCUS MUTANS* PARA METABOLISMO DE SUCROSA. (Expression in *Escherichia coli* K-12 of a *Streptococcus mutans* enzyme for sucrose metabolism). Robeson, J. y Curtiss III, R. Lab. Microbiología, Universidad Católica de Valparaíso y Depto. de Microbiología, Universidad de Alabama en Birmingham.

*S. mutans* es un importante agente cariogénico y su virulencia está vinculada a su habilidad para metabolizar sucrosa.

Para establecer un sistema de análisis de la organización y expresión de genes de *S. mutans* relacionados con metabolismo de sucrosa, decidimos clonar dichos genes en *E. coli* K-12. Se usó DNA cromosomal de *S. mutans*, serotipo c, y los vectores de clonamiento pBR322 y pJC74 para construir moléculas recombinantes. *E. coli* K-12 fue transformado y los clones de interés detectados por utilización de rafinosa en presencia de IPTG. Estos clones contenían plasmidios con inserciones de 1,1 Mdal generadas con Hind III, correspondientes a DNA de *S. mutans*. De ellos se purificó una enzima de peso molecular 55.000 que metabolizaba sucrosa produciendo fructosa, algo de glucosa y un glucano. La enzima se expresó en *E. coli* en niveles similares a la  $\beta$ -lactamasa codificada por pBR322. En *S. mutans* la forma equivalente de la enzima se encontró asociada a células y extracelularmente. En *E. coli* la enzima estaba distribuida entre el citoplasma y el espacio periplásmico. La enzima secretada al espacio periplásmico aparentemente no era procesada en el extremo N-terminal.

Estos resultados validan el uso de técnicas de DNA recombinante para el análisis de factores de patogenicidad de *S. mutans* y aportan a estudios básicos de expresión genética intergenérica en bacterias.

INDUCCION DE MUTACIONES CON RAYOS GAMMA FUENTE Co<sup>60</sup> EN GIRASOL (*Helianthus annuus* L.) Y EN AJONJOLI (*Sesamum indicum* L.) Robles, S.R. Agronomía. D.C.A.M. - Inst. Tec. y de Est. Sup. Monterrey, N.L. México.

Durante más de diez años de investigación y de fitomejoramiento genético con girasol, aplicando métodos de: selección masal, selección individual, cruces de girasol cultivado por silvestre y retrocruzas con cultivado, hemos formado las variedades TECMON-1 para producción de grano, TECMON-2 para grano (con resistencia a plagas) y TECMON-51 para producción de forraje; sin embargo, consideramos de interés y futuro la inducción de mutaciones, porque en las colecciones internacionales de germoplasma, no existen algunos genes necesarios para formar nuevas variedades con caracteres favorables.

Respecto al ajonjolí, uno de los problemas a nivel nacional (México) e internacional, lo constituye la dehiscencia de las cápsulas, la que impide la cosecha mecánica y resulta costosa la cosecha manual; por lo tanto la inducción de mutaciones pudiera ser la solución.

Hemos aplicado dosis de 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70 y 80 Krads de rayos Gamma fuente Co<sup>60</sup>, habiendo determinado la LD-50; la LD-100, y la dosis para reversión en girasol y en ajonjolí. Además, hemos obtenido diversas mutaciones en girasol y en ajonjolí con dosis de 30 a 40 Krads, las que se mostrarán con transparencias en el V Congreso Latinoamericano de Genética.

La investigación se realizó bajo condiciones de invernadero y de campo.

ULTRAESTRUCTURA DEL PAR SEXUAL EN LOS ESPERMATOCITOS I DE *LUTREOLINA CRASSICAUDATA* (MARSUPIALIA). (Sex pair ultrastructure of spermatocytes I of *Lutreolina crassicaudata* (Marsupialia). Roche, L. y Wettstein, R. División Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas C. Estable, Montevideo, Uruguay.

Los estudios previos de los cromosomas sexuales de los marsupiales durante la profase meiótica muestran ciertas características diferenciales respecto a los mamíferos euterianos. No se encuentra segmento de complejo sinaptonémico (CS) uniendo los extremos de los ejes del X e Y, los cuales se asocian durante el estadio difuso mediante una placa densa (PD), continua con las inserciones de los ejes en la membrana nuclear (MN). La PD se dispone contra la cara interna de la MN en toda su zona de contacto con los cromosomas sexuales. Para el estudio de *L. crassicaudata* se utilizaron las técnicas estándar de microscopía electrónica y la realización de reconstrucciones tridimensionales mediante cortes seriados. Se observa un retardo del apareamiento del par sexual con respecto a los autosomas, siendo asincrónico en células que se encuentran en el mismo estadio de la profase meiótica. Los dos cromosomas forman una masa única de condensación diferencial a partir del comienzo del paquiteno. Dentro de esta masa se distinguen los ejes, más gruesos que los autosómicos. Durante el paquiteno temprano los dos ejes se insertan independientemente en la MN, sin presentar un extremo común. En paquitenos más tardíos, los ejes adoptan en ciertos segmentos una estructura tubular que en cortes longitudinales semeja a un CS. En el estadio difuso se observa la PD que se extiende a todo el contorno del núcleo y se halla en forma constante el aparato de Golgi, ubicado en las proximidades de la zona de contacto del par sexual con la MN, polarizada hacia esa zona.

\*Apoyado por el PRDC y T de OEA y MC y C (Uruguay).

METODO PARA AISLAR MUTANTES DE TIPO *dnaC* EN CEPAS DE *Salmonella typhimurium* LT2. (Method for isolation of *dnaC* mutants in *S. typhimurium* strains). Rodríguez Lemoine, V. Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Apartado 20201 - Caracas 1020, Venezuela.

La replicación de los plásmidos F y F primas es dramáticamente afectada por la presencia del plásmido pLT2 de *S. typhimurium* o de otros plásmidos con el carácter  $Fin^+$  (grupos de incompatibilidad FII - Fy) en cepas de *S. typhimurium* con alteraciones en la región *dnaC*. Ha sido postulado que la inestabilidad de estos elementos genéticos es debida a su reducida capacidad para competir con otros plásmidos por el producto del gen *dnaC* (Rodríguez Lemoine & Rowbury, Mol. Gen. Genet. 156: 313-318; 1977).

La alta frecuencia de segregación de *Flac*, introducido por conjugación en mutantes *dnaC* de *S. typhimurium* ha sido utilizada en este trabajo como criterio selectivo para aislar mutantes de este tipo a partir de cepas de *S. typhimurium dnaC<sup>+</sup> Flac<sup>+</sup>*.

Mutantes de *S. typhimurium dnaC<sup>+</sup> (pLT2<sup>+</sup> Flac<sup>+</sup>)* incapaces de crecer a 38-42°C pero que mostraron un crecimiento normal a 28-34°C, fueron analizadas mediante la técnica de réplica sobre medio indicador de fermentación. En 4 de los 86 clones ts (*pLT2<sup>+</sup> Flac<sup>+</sup>*) que mostraron alta frecuencia de segregantes *Lac<sup>-</sup>* se mostraron alteraciones en la región *dnaC*. Una de estas mutantes fué analizada en detalle.

DETECCION TEMPRANA DE POLIQUISTOSIS RENAL TIPO ADULTO MEDIANTE TOMOGRAFIA COMPUTADA  
Early detection of polycystic disease of the kidney (adult type) by computerized tomography

Roubicek M., Rímola L., Giménez C.  
Hospital Privado de Comunidad  
Mar del Plata, Argentina

La enfermedad poliquística renal tipo adulto tiene herencia autosómica dominante, y los síntomas clínicos comienzan habitualmente después de los 30 años de edad. Las personas en riesgo de haber heredado el gen, y de edad inferior a aquélla, constituyen una situación de difícil asesoramiento genético, especialmente cuando se trata de planificar sus familias.

Una joven de 19 años de edad solicitó asesoramiento genético prematrimonial por presentar un defecto por reducción del miembro superior izquierdo. Tenía antecedentes de infecciones urinarias, pero dos urogramas excretorios fueron normales.

La tomografía axial computada demostró la presencia de imágenes quísticas en ambos riñones, confirmando la presencia de la enfermedad en la consultante y permitiendo su asesoramiento correcto. Se compara la eficiencia de este medio diagnóstico con la de la radiografía convencional y de la ecografía, dando la primera las imágenes más precisas.

Conclusión: Se considera a la tomografía computada como el método más preciso para pesquisar a posibles portadores asintomáticos del gen en las familias afectadas de esta enfermedad.

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACION BIOQUIMICA DE MUTANTES MORFOLOGICAS DE *Mucor bacilliformis*. (Isolation and biochemical characterization of morphological mutants of *Mucor bacilliformis*). Ruiz-Payán, A. López-Romero, E. Ruiz-Herrera, J. Depto. de Genética y Biol. Molecular, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del I.P.N. México, D.F.

La regulación del dimorfismo en los hongos está sujeta a una compleja interacción de diferentes factores. Con el fin de analizar las bases bioquímicas de este fenómeno se aislaron mutantes morfológicas del hongo dimórfico *M. bacilliformis* bloqueadas en el desarrollo de la forma micelial, para ello se utilizó el procedimiento de mutagénesis con nitrosoguanidina descrito para *Phycomyces* (Cerdá-Olmedo, *Bacteriol Rev* 1969 Vol. 33, 99-133). Se obtuvieron 14 mutantes morfológicas de las cuales 6 fueron auxotrofas para lisina.

Los parámetros medidos en las mutantes y comparados con la cepa silvestre fueron: capacidad de crecer en substratos no fermentables, respiración, patrones de citocromos, niveles de AMPc; y niveles de dos enzimas que se han descrito como importantes en la diferenciación de hongos y otros organismos eucarióticos: glutámico deshidrogenasa y ornitina descarboxilasa. De las 14 mutantes analizadas, una de ellas carece del citocromo aa<sub>3</sub>, 4 carecen de los citocromos aa<sub>3</sub> y b, 4 presentan diferencias en la relación de los citocromos b y c y 3 mutantes tienen un patrón de citocromos normal. La actividad de la glutámico deshidrogenasa (NAD) está disminuida en 2 mutantes, mismas que tienen niveles elevados de AMPc. Todas las mutantes muestran niveles disminuidos de ornitina descarboxilasa con respecto a la cepa silvestre. En base a los resultados obtenidos, creemos que la 6 las mutaciones responsables del bloqueo en el desarrollo de la fase micelial se halla a nivel mitocondrial.

SELECCION DIVERGENTE PARA LA CONDUCTA GREGARIA EN *D. MELANOGASTER*. (Divergent selection for gregarious behavior in *D. melanogaster*). G. Rufiz y E. del Solar. Instituto de Ecología y Evolución, Univ. Austral de Chile.

La base hereditaria de la conducta gregaria en *D. melanogaster* ha sido estudiada en experimentos de selección disruptiva con cuatro líneas seleccionadas para Alta y seis líneas seleccionadas para Baja agregación durante 66 generaciones.

Las respuestas de las líneas a la selección fueron estimadas por diferentes estadísticos: coeficiente de perturbación de Charlier, la razón variancia promedio, el parámetro k de la distribución binomial negativa, la proporción de huevos en el tubo preferido y la proporción de tubos ocupados.

Los resultados muestran que si bien las diferentes estadísticas exhiben eficiencias distintas son coherentes en describir adecuadamente la dirección de la respuesta. Concluyéndose que tal conducta en *D. melanogaster* está controlada genéticamente.

Trabajo parcialmente financiado por D.I., U.A.CH. Proyecto RSM-80-41

VENTAJA SELECTIVA DE LAS PLANTAS HETEROCIGOTAS EN POBLACIONES DE MAIZ. (Selective advantages of the heterozygous plants in maize populations).

Salerno, J.C., Hopp, H.E. y Favret, E.A.  
Departamento de Genética, INTA, Castelar, Argentina

Se realizó un estudio integral en poblaciones de maíz con el objeto de lograr una aproximación al comportamiento de los factores letales.

Se determinó la frecuencia de mutaciones espontáneas considerando los letales cigóticos con expresión visible, como son las mutaciones clorofílicas (albina, lutea, amarilla), las cuales son letales al estado de plántula y por lo tanto no dejan descendencia. Las frecuencias observadas fueron muy elevadas, manteniéndose constante a través de las cuatro generaciones estudiadas.

Se analizaron en forma individual las poblaciones seleccionadas con y sin letales clorofílicas involucrando frecuencia de plantas heterocigotas, índice de mutación global, pruebas de alelismo, distribución aloenzimática en 15 sistemas diferentes (electroforesis en gel de almidón) y aptitud reproductiva.

Los resultados obtenidos hasta el presente sugieren la existencia de una ventaja selectiva de las plantas heterocigotas, las cuales se hallan presentes en una alta frecuencia, manteniendo la población en equilibrio.

\*) Publicación Técnica Gen. N° 633 del Departamento de Genética, INTA, C.C. 25, 1712 Castelar, Argentina.

PATRONES DE REPLICACION EN CROMOSOMAS X INACTIVOS EN LINFOCITOS HUMANOS 49,XXXXX. (Replication patterns of late-replicating X-chromosomes in 49,XXXXX human lymphocytes). Sánchez-Corona, J. García-Cruz, D. Rivera, H. Plascencia, M.L. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Estudiamos la replicación cromosómica del X en 20 metafases de una paciente con cariotipo 49,XXXXX, en base a que la inactivación de 4 de los 5 homólogos en la misma metafase permitiría conocer y comparar los segmentos cromosómicos de replicación tardía por incorporación de 5-bromodeoxiuridina (BrdU). Se estudió además la secuencia de replicación del X en una paciente con cariotipo 46,XX,t(X;3)(q26;q21), cuyo cromosoma X inactivo siempre fue el normal en 40 metafases. La comparación de las secuencias de replicación de los 4 cromosomas inactivos entre sí y con el X normal de la paciente con la translocación, permitió la identificación de dos patrones de replicación que difieren en la región cromosómica comprendida entre las bandas q13 y q25. El patrón más frecuentemente observado se caracterizó por bandas de replicación temprana en las regiones teloméricas y pericéntricas (p22, q26-28 y p11;q13). El otro patrón presentaba además bandas en los segmentos q22 y q24, de intensidad y secuencia variables. La coexistencia de esos dos diferentes patrones de replicación en los cromosomas X inactivos de una misma metafase 49,XXXXX y el encontrarlos en el mismo cromosoma X replicador tardío de la translocación (X;3), permite concluir que los cromosomas X de replicación tardía siguen cuando menos dos diferentes patrones en su secuencia replicativa.

INDIVIDUALIZACION DE UN SINDROME CARACTERIZADO POR CABELLO Y FACIES PECULIAR, TALLA BAJA, RETARDO MENTAL Y ATAXIA EN DOS HERMANOS. (A distinct syndrome characterized by peculiar hair and face, short stature, mental retardation and ataxia in two sibs). Sánchez-Corona, J. García-Cruz, D. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

Se estudió a 2 hermanos (varón y hembra de 8 y 7 años de edad, respectivamente) que presentaron características clínicas similares: talla baja, retardo psicomotor, facies peculiar debida a macrocefalia y ligero exoftalmos, nistagmus horizontal, cabello grueso, áspero, abundante y fácilmente desprendible, implantación anormal de pabellones auriculares, cuello corto, escoliosis, genu recurvatum, pies deformes con el primer dedo "en gatillo". El exámen neurológico mostró ataxia en miembros superiores e inferiores, disartria, disminución de los reflejos osteotendinosos profundos, y signos de Babinski y Romberg positivos. La tomografía axial computarizada demostró atrofia cerebelosa y córtico-subcortical, más acentuada en el varón. Los estudios de laboratorio y el cariotipo dieron resultados normales o negativos. Los hallazgos radiológicos comunes fueron osteopenia generalizada, escoliosis, cardiomegalia moderada y retardo en la maduración ósea. Los padres y 6 hermanos fueron considerados clínicamente normales. Estos hallazgos permiten individualizar una entidad previamente no descrita en la literatura médica con una herencia probable autosómica recesiva.

ESTUDIOS CITOGENETICOS EN LEUCEMIA DE CELULAS "PELUDAS" (CYTOGENETIC STUDIES IN HAIRY CELL LEUKEMIA). Santos\* A., M.; González\* de R., A.; González\* P., R.; Daiber\*\*A.; Pincheira\*\*V., J.; y Garrido\* N., J. \*Lab. Histología, ICB, Pontificia Universidad Católica de Chile y \*\*Unidad de Citogenética, Fac. Medicina, Universidad de Chile.

La leucemia de células "peludas" (Hairy cell Leukemia) se presenta con baja frecuencia en la población. Se realiza un estudio citogenético en una paciente afectada por esta neoplasia, cuyo diagnóstico está basado en la historia clínica, datos de laboratorio clínico y observación morfológica a microscopía electrónica. Para la obtención de cromosomas se realizó un cultivo de leucocitos obtenidos de sangre periférica en medio RPMI, suplementado con suero fetal y LPS.

En el análisis del cariotipo bandeado G con urea y tripsina, se detectó una monosomía para el cromosoma 18 que afectaba al 60% de las células, observándose un 40% de células con 46, XX. Estos resultados podrían explicarse basado en los antecedentes de estimulación preferencial de las células neoplásicas por LPS en cultivo.

Autores previos han postulado una correlación entre algunas leucemias y diferentes alteraciones de los cromosomas del grupo 17-18. Aunque no es posible destacar otro tipo de alteraciones que afecten a este u otros grupos cromosómicos, ya sean propias de este tipo de leucemia o consecuencia del cultivo celular, la alta frecuencia de la monosomía para el cromosoma 18 detectado en nuestro caso, podría constituir un aporte para la postulación antes mencionada.

BANDEO R CON BrdU Y NARANJA DE ACRIDINA EN CROMOSOMAS PROFASICOS. DETECCIÓN DE UNA VARIANTE DEL CARIOTIPO NORMAL (R Banding by BrdU - Acridine orange in prophase chromosomes. Detection of a normal karyotype variant) Santos, A.M.; Pincheira, U.J.; Be, R.C.; y Garrido, N. J. \*Lab. Histología, ICB, Pontificia Universidad Católica de Chile y Unidad de Citogenética\*Fac. Medicina, Universidad de Chile.

La aplicación de las técnicas de bandedo en cromosomas profásicos ha permitido avanzar en el conocimiento de la estructura de los cromosomas, en determinar el origen de algunos tipos de bandeos y en la definición de nuevos síndromes clínicos por aberraciones cromosómicas como también la precisión de variantes del cariotipo normal, que en algunos casos constituyen polimorfismos.

Se realizó un estudio citogenético en un hombre normal. Se cultivaron linfocitos de sangre periférica por 48 hrs., sincronizan con Metrotexato. Fueron lavados e incubados en medio que contenía BrdU por 6 hrs. adicionales. Se realiza cosecha y confección de preparaciones en forma habitual. Las placas metafásicas obtenidas, se tiñeron con Bandedo G (urea), C(Ba)OH<sub>2</sub>-SSC2X y R(Naranja de acridina). El cariotipo bandedo G y C fue normal (46,XY). El bandedo R reveló una variante en el tamaño e intensidad de la frecuencia a nivel de la banda 12 del brazo p de uno de los cromosomas 7. (46,XY, var(7) (p12RBA34)).

Se discute este hallazgo en relación a la técnica que permitió su detección, su importancia para el individuo que la porta y su relación con variantes cromosómicas polimórficas.

ANÁLISE CROMOSSÔMICA E DA HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA EM LEUCEMIAS. (Chromosome and constitutive heterochromatin analysis in leukemia). Sampaio, D.A.\*, Mattevi, M.S.\*\* e Erdtmann, B.\*\* (\*HEMOPE, Recife, PE, Brasil e \*\*Depto. Genética-IB-UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil).

Dados recientes tem indicado que o cromossomo Al está preferencialmente envolvido na etiologia de certos processos leucêmicos. Há indicações também, embora contraditórias, de que a heterocromatina constitutiva (HC) não só deste, mas inclusive a do cromossomo C9, apresenta-se em tamanho maior nestas patologias.

Devido a isto, está sendo avaliado, por microdensitometria, o comportamento da HC dos cromossomos Al, C9 e E16 de 50 pacientes de patologias hematológicas diversas, especialmente leucemias agudas e crônicas. As alterações cariotípicas estão sendo identificadas pelo bandeamento G e a variação das bandas C será comparada com a de 50 indivíduos sadios. (CNPq/PIC. FAPERGS, PROPESP/UFRGS).

INHIBICION DE LA MADURACION DEL ADN DURANTE LA REPLICACION POR CICLOHEXIMIDA. (Cycloheximide inhibits nascent DNA maturation). J.B. Schwartzman y Van't Hof, J. Biology Department, Brookhaven National Laboratory, Upton, New York 11973, USA.

Tanto en procariontes como en eucariontes, la replicación del ADN es un proceso continuo en el que no obstante, se pueden identificar etapas bien definidas: iniciación de la síntesis de ADN a partir de orígenes aparentemente fijos, elongación de las nuevas cadenas para formar fragmentos de Okazaki, y ligamiento de estos fragmentos para completar la replicación de un replicón. No obstante, una etapa de la replicación exclusiva de los eucariontes, es el ligamiento de los replicones para formar cadenas de alto peso molecular.

El requerimiento de síntesis de proteínas para iniciar el período S y para mantener una velocidad normal de elongación, ha sido claramente demostrado en varias especies. Sin embargo, no se sabe si la maduración de los replicones eucarióticos es también un proceso dependiente de síntesis proteica.

Con el objeto de contestar a esta pregunta, se investigaron los efectos de la cicloheximida, un inhibidor de la síntesis de proteínas, sobre la replicación y maduración del ADN en meristemas de Pisum sativum. Estudios autoradiográficos y citofotométricos de células aisladas, y el análisis del ADN marcado con timidina tritiada por medio de sedimentación analítica en gradientes alcalinos de sacarosa, han permitido demostrar que la cicloheximida inhibe el progreso de las células a través del período S y bloquea el desarrollo normal de la maduración del ADN, dando lugar a la acumulación del ADN que acaba de ser sintetizado en fragmentos con un peso molecular aproximado de  $\sim 72 \times 10^6$  daltons.

TECNICA SIMPLIFICADA PARA EL CULTIVO DE CELULAS DEL LIQUIDO AMNIOTICO. (Simplified technique for amniotic fluid cells culture). Scarpati R., Lippold S., Caputo E., Matayoshi T. y Gadow E. Sección Genética-Dpto. de Ginecología y Obstetricia-Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas (CEMIC) Galván 4102 - 1431 BUENOS AIRES-ARGENTINA.

El cultivo de células del líquido amniótico (L.A.) obtenido a través de la amniocentesis transpariente abdominal, en estadios tempranos de la gestación se ha incorporado definitivamente como técnica de estudio genético. La mayoría de los procedimientos descriptos hasta el momento requieren el centrifugado del líquido, la utilización de estufa gaseada con una atmósfera de CO<sub>2</sub> y humedad controlada y material descartable. Nuestra técnica, en contraste, prescindiendo de la centrifugación, incuba en estufa de cultivo convencional y no requiere el empleo de frascos especiales. Al permanecer las células mas tiempo en el L.A. se logra una adaptación gradual al medio de cultivo. Por otra parte se requiere un menor número de pasos, lo que reduce la posibilidad de contaminación. De un total de 114 cultivos de células de L.A., se logró obtener material apto para el análisis cromosómico en 107 muestras con un porcentaje de éxito del 94%. El lapso de tiempo transcurrido entre la entrada del material y la obtención del resultado varía entre 13 y 20 días. Esta técnica ha demostrado ser confiable, simple y económica siendo ideal para ser utilizada en laboratorios de citogenética con equipamiento mínimo.

COMPONENTES DA ESTATURA DE PLANTA E HERANÇA DO CARÁTER COMPRIMENTO DE PEDÚNCULO EM TRIGO (Plant stature components and inheritance of peduncle length trait in wheat). Scheren, P.L. e Carvalho, F.I.F. de. CNPTrigo, Passo Fundo, RS, e Dep. de FIT. UFSC, Florianópolis, SC.

Estatura de planta e seus componentes foram medidos em populações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>F<sub>1</sub>, derivadas de cruzamentos entre diferentes genótipos de trigo. Amostras de entrenós de ambos os genitores, semi-anões e altos, revelaram que: 1) o comprimento médio dos entrenós foi crescente da base ao ápice da planta; 2) uma expressiva porção da variabilidade fenotípica do caráter número de entrenós era de natureza ambiental; 3) o pedúnculo contribuiu com aproximadamente 40% da estatura total dos genótipos. O modelo de ação gênica para comprimento de pedúnculo variou entre cruzamentos. Em dois cruzamentos o número mínimo de classes foi de duas, com efeitos epistáticos e desvios de dominância, respectivamente; o número máximo de classes foi sete, com ação gênica aditiva e segregação transgressiva.

ACTIVIDADES PROTEOLITICAS EN LEVADURA. LUEGO DE LA IRRADIACION UV. (Proteolytic activities in yeast after UV-irradiation). J. Schwencke y E. Moustacchi\*\* Laboratoire d'Enzymologie du C.N.R.S. - 91190 Gif-sur-Yvette, FRANCE. \* Institut Curie, Orsay, FRANCE.

Numerosos estudios indican una relacion entre la reparacion mutagénica, o engendradora de errores (error-prone) y los mecanismos de la transformacion maligna. Algunos inhibidores de proteasas presentan la particularidad de inhibir la tumorigenesis en animales, causada por la irradiacion o por agentes químicos. Los cambios bioquímicos relacionados con el fenomeno de reparacion mutagénica son practicamente desconocidos en eucariotes. Por el contrario en procariones hay ya clara evidencia de la existencia de una etapa proteolitica muy especifica.

Nuestro estudio esta dirigido a aprovechar las ventajas de la levadura, un eucariote unicelular, en el que existe una buena base genética relativa a las diferentes vias de reparacion del DNA, lo que permite disponer de mutantes adecuados para un estudio bioquímico.

Entre las cinco proteasas mas conocidas de la levadura, hemos encontrado que la protease B, una endoproteasa, aumenta notablemente luego de la irradiacion por rayos ultravioleta. La variacion antedicha es muy limitada en cepas mutantes que presentan un defecto en la via de reparacion mutagenica. Estos resultados se discuten con referencia a la posible existencia de una etapa proteolitica que podria ser importante en la via de reparacion mutagenica en eucariotes.

LA TRANSCRIPCION DURANTE LA PROFASE MEIOTICA EN TETTIGONIODEA. (The transcription during meiotic prophase in Tettigoniodea). Stoll, M., Cardoso, H., Dutra, A., Oliver, G. y Peceli, A.: División Citogenética, IIBCE, Montevideo, Uruguay.

La actividad de transcripción durante la profase meiótica de machos de *Scapteriscus borrelii*, *Gryllus argentinus* y *Discophogryllus ontophagus*, se evaluó mediante la incorporación "in vitro" de 3H Uridina y el conteo de células con o sin marcación nuclear en los diferentes estadios profásicos. La duración de cada estadio se estimó por su frecuencia relativa en la población de células analizadas, identificándoseles de acuerdo a parámetros citológicos previamente establecidos. En cada caso se contaron más de 1000 células. El sistema de evaluación de la transcripción positivo/negativo, no demuestra variaciones cuantitativas pero sí el % de células en transcripción activa durante cada estadio meiótico. La síntesis de ARN es muy significativa durante los estadios tempranos (> 80% en leptozigo). El número de células marcadas decae en paquí medio (< 50% y es muy baja (menor de 10% o nula) en los estadios de máxima dispersión de la cromatina, (difusos) en las tres especies. En nuestro material la transcripción no estaría correlacionada con el estado de condensación de la cromatina. La marcación nucleolar sigue un patrón similar a la cromosómica. Estos patrones de transcripción son claramente diferentes a los reportados en otros grupos animales, con técnicas semejantes.

Ayudado por P.R.D.C. y T. de O.E.A. y el Ministerio de Educación y Cultura, Uruguay.

ESTUDO CITOGÉNÉTICO DE INDIVÍDUOS PROFISIONALMENTE EXPOSTOS AO METIL PARATHION. (Cytogenetic study of workers exposed to methyl parathion). Stocco, R.C., Beçak, W., Gaeta, R.\* e Rabello-Gay, M.N. Instituto Butantan, Instituto Biológico\*, São Paulo, Brasil.

Metil parathion é um organofosforado de uso doméstico, cuja ação tóxica é deprimir o nível de colinesterase. No intuito de averiguar a possível clastogenicidade do composto em células humanas, foram analisados 15 operários de uma fábrica de inseticidas, expostos exclusivamente ao m-parathion por períodos de 1 semana a 7 anos (níveis de ACHE menores ou iguais a 75%) e 13 controles sem exposição profissional ao composto, (ACHE=100%) com idade e nível sócio-econômico comparáveis aos dos expostos. Não foi encontrada diferença significativa entre expostos e controles quanto à frequência de células com aberrações cromossômicas no sangue periférico. Nossos resultados indicam que a exposição crônica profissional a baixos níveis de m-parathion não tem efeito clastogênico nos linfócitos de sangue periférico.

AUTO-POLINIZAÇÕES E POLINIZAÇÕES CRUZADAS, ARTIFICIAIS, EM ALGUMAS ESPÉCIES DO GÊNERO *Laelia* (SELF-POLLINATION AND CROSS-POLLINATION, ARTIFICIAL, IN SOME SPECIES OF THE GENUS *Laelia*) Stort, Maria Neysa S. e Gisela M. de Luna Galdino

Stort e Sodero (1976) verificaram que a auto-fecundação reduz a frequência de sementes com embrião em orquídeas do gênero *Cattleya*. Exceção foi apresentada pela *C. aurantiaca* que se reproduz, normalmente, através da auto-fecundação.

Observações semelhantes foram feitas em oito espécies do gênero *Laelia*. Espécies desse gênero foram cruzadas intra-especificamente e auto-fecundadas. As polinizações foram feitas artificialmente. Os frutos formados foram colhidos quando maduros e amostras de sementes contadas ao microscópio para um levantamento da frequência de sementes com e sem embrião formadas em cada caso. Os resultados obtidos nas contagens de sementes com e sem embrião formados após as auto-fecundações e polinizações cruzadas, respectivamente, foram os seguintes: *L. caulecens*: 31,42% e 66,61%; *Laelia flava*: 6,61% e 31,89%; *L. grandis*: 8,74% e 42,19%; *L. mulleri*: 0,00% e 25,91%; *L. ostermayeri*: 0,78% e 52,60%; *L. pumila*: 30,39% e 54,53%; *L. purpurata*: 10,40% e 68,20% e *L. tenebrosa*: 12,95% e 46,55%.

Embora esses resultados não sejam conclusivos evidenciam a adaptação que plantas dessas espécies apresentam à polinização cruzada.

ESTUDIO DAS ANTENAS DE *Scaptotrigona postica* (HYMENOPTERA - APIDAE) (STUDY OF THE ANTENNAE OF *Scaptotrigona postica* (HYMENOPTERA, APIDAE)). Stort, A.C. e Nilso Barelli.

As antenas das abelhas são dois órgãos bastante complexos que contem uma série grande de componentes que estão relacionados com os diversos sentidos dos insetos. Dentre as abelhas sociais o estudo das estruturas nas antenas de *Apis mellifera* é que tem recebido maior atenção por parte dos pesquisadores. Em relação às abelhas sem ferrão apenas algumas observações tem sido apresentadas. A presente comunicação se refere ao estudo, a nível de microscopia ótica e de microscopia de varredura, das antenas da abelha sem ferrão *Scaptotrigona postica* segmentos antenares eram abertos no sentido longitudinal, distendidos e montados em lâminas para a contagem do número de discos olfativos. Para as análises eletrônicas as antenas eram cobertas por uma fina película de ouro. As observações mostraram que essas abelhas possuam em todos os tipos de estruturas sensoriais presentes nas antenas de *Apis mellifera* ou seja: sensilla trichodea, basicônica, placodea (discos olfativos) coelocônica, ampullacea e campaniformia mas com tamanhos bastante menores. As sensilla trichodea e placodea são as que aparecem em maiores quantidades, mas nas operárias de *Scaptotrigona* o segmento nº 2, ao contrário do que ocorre em *Apis*, já apresenta sensilla placodea embora em número bastante pequeno (apenas 2,51% do número total encontrado em cada antena). O número de sensilla placodea ou discos olfativos por antena em *Scaptotrigona postica* é 1.036,400 - 12,161 quase 3 vezes menos do que *Apis*, o que não condiz com o seu sistema de comunicação que é unicamente por formação de trilhas de cheiro.

ESTUDIO COMPARATIVO DE LA PROFASE MEIOTICA Y REGIONES ORGANIZADORAS NUCLEOLARES (NOR) EN DIDÉLFIDOS URUGUAYOS. (Comparative study of meiotic prophase and nucleolar organizer regions (NOR) in uruguayan didelphids). Seluja, G., DiTomaso, M.V., Brum-Zorrilla, N. y Cardoso, H. División Citogenética. Instituto de Investigaciones Biológicas C. Estable, Montevideo, URUGUAY.

Los estudios en marsupiales han aportado valiosa información acerca de la evolución en mamíferos. La fauna uruguaya incluye 3 especies de didelphidos: *Monodelphis dimidiata*, *Lutreolina crassicaudata* y *Didelphis albiventris*. Este trabajo encara el análisis citogenético de los cromosomas somáticos y de la profase meiótica de estas especies con referencia a la ubicación y comportamiento de regiones organizadoras nucleolares. Preparaciones de médula y testículo fueron tratadas con técnicas argentínicas para la demostración de regiones NOR. Las regiones NOR se ubican: a) *M. dimidiata*: par 6 en posición telomérica proximal; b) *L. crassicaudata*: pares 5 y 6 en posición telomérica proximal y telomérica distal respectivamente; c) *D. albiventris*: par 6 en posición telomérica distal. La profase meiótica muestra similitudes entre las 3 especies, un estado difuso de gran tamaño, entre paquinema y diplonema, en el cual sólo se observan condensadas las regiones heterocromáticas y presencia de un nucléolo desde estadios tempranos hasta difuso inclusive. Considerando las dos teorías más aceptadas de la evolución cromosómica en didelphidos, se plantean los posibles mecanismos que originaron las diferentes localizaciones de las regiones NOR en las especies estudiadas.

Apoiado por P.R.D.C. y T. de O.E.A. y Ministerio de Educación y Cultura, Uruguay.

INTERACCIONES GENICAS EN LA DIFERENCIACION DE LA PARED CELULAR DE *Neurospora crassa*. (Genetic interactions in cell wall differentiation in *Neurospora crassa*.) Silva, M.; Cardemil, L. y Pincheira, G. Lab. de Genética, Fac. de Cs. Básicas y Farmacológicas, Universidad de Chile.

Alteraciones de la composición química de la pared celular de *Neurospora crassa* pueden afectar su morfología y/o sus características de crecimiento.

La caracterización de la fracción de la pared de *Neurospora crassa* formada por un glucan-peptido, (Fracción I) en tres mutantes morfológicas simples indicó cambios cuantitativos de algunos de los componentes de los polisacáridos.

El análisis similar de mutantes morfológicas dobles las cuales fueron obtenidas mediante procedimientos genéticos; da los siguientes resultados preliminares:

El fenotipo colonial de ambas dobles mutantes es más intenso que en cada una de las mutantes simples que las constituyen.

La velocidad de crecimiento es también aproximadamente 1/3 de las mutantes simples.

El análisis mediante cromatografía de gases de las mutantes dobles, muestran alteraciones cuantitativas de diferentes azúcares que son significativas (aumento de glucosa, disminución de galactosa y manosa). Se investiga la alteración cualitativa de los polímeros que estos monómeros constituyen y la posible interacción de centros de control genéticos en la morfogénesis del hongo.

ANÁLISIS DE BANDAS HETEROCROMÁTICAS EN EN CARIOTIPOS DE CHLOROPHYTUM. (LILIACEAE) (Analysis of heterochromatic bands in karyotype of Chlorophytum). Siso, José y A. de Siso. Departamento de Biología. Universidad de Oriente. Cumaná. Venezuela.

La presente investigación es un análisis cromosómico de dos especies del género *Chlorophytum*: *C. capense* y *C. sternberginum*. (Liliaceae). Estas plantas fenotípicamente se parecen a algunas especies de *Anthericum* situación que ha presentado gran confusión taxonómica, hasta el punto de que se registra una abundante sinonimia en la descripción de su determinación sistemática.

Utilizando el método de Siso y Siso, 1975, se trataron zonas meristemáticas del ápice radical y anteras jóvenes. Asimismo los tejidos meristemáticos se sometieron a un pretratamiento con calor a 70°C. por dos horas y usando el método de bandejo G se determinaron las bandas cromosómicas del complemento de cada especie y se proponen sus patrones de bandas heterocromáticas.



UN METODO DE TAMIZAJE PARA LA DEFICIENCIA DE LA ENZIMA URIDINA DIFOSFATO GLUCOSA PIRROFOSFORILASA {UGPF}. (A screening test for uridine diphosphate glucose pyrophosphorylase {UGPF}). Vaca, G. García-Cruz, D. Wunsch, C. Medina, C. Ramírez, M.L. Sánchez-Corona, J. González-Quiroga, G. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

La UGPF cataliza la formación de uridina difosfato glucosa (UDF-glu) a partir de UTP y glu-1-F, la reacción es reversible. La deficiencia de UGPF tendría como consecuencia un déficit de UDF-glu. Una de las reacciones en las que participa este compuesto como sustrato es en la catalizada por la galactosa-1-fosfato uridiltransferasa (GALT), enzima de la vía metabólica de la galactosa. Teóricamente, la ingestión de leche por un individuo con deficiencia de UGPF produciría las manifestaciones clínicas propias de la galactosemia, en presencia de actividades normales de galactokinasa, GALT y uridina difosfato galactosa 4-epimerasa. Se describe un método de tamizaje para la identificación en muestras de sangre de individuos con la deficiencia. La reacción se ensaya en la dirección de formación de glu-1-F a partir de UDF-glu y pirofosfato. La glu-1-F formada es convertida en glu-6-F por la fosfoglucomutasa. La oxidación de la glu-6-F por la glucosa-6-fosfato deshidrogenasa, en presencia de NADP<sup>+</sup> (no fluorescente) resulta en la formación de 6-fosfogluconato y NADPH (fluorescente). En ausencia de actividad de UGPF en la muestra, no se formará glu-1-F, el NADP<sup>+</sup> no se reducirá y por tanto, no aparecerá fluorescencia. La incorporación de este método a la batería de procedimientos de tamizaje para la identificación de errores congénitos del metabolismo de la galactosa ofrece una nueva opción diagnóstica.

POLIMORFISMO CROMOSSOMICO E VARIABILIDADE AMBIENTAL EM POPULAÇÕES NATURAIS DE *Drosophila willistoni*. VALENTE, V.L.S. e ARAÚJO, A.M. (Deptº de Genética. UFRRGS -Porto Alegre, Brasil.

Foram encontradas diferenças estatisticamente significantes nas frequências de arranjos dos braços cromossômicos II L e III na F<sub>1</sub> de populações naturais de *Drosophila willistoni* coletadas trimestralmente em três localidades no Rio Grande do Sul: Parque do Turvo, na fronteira com a Argentina e Estado de Santa Catarina, Parque de Itapoá e Estação Experimental Agronômica de Guaíba (Eldorado) a 60 e 40 km de Porto Alegre, respectivamente, desde julho de 1978. Dentre as variáveis consideradas estão: diferenças na atratabilidade por vários recursos tróficos: iscas de banana fermentada convencionais colocadas como controle a cerca de 20 metros de fontes naturais de alimentação e/ou ovoposição: frutos naturais fermentados caídos ao solo; diferenças na atratabilidade por iscas de banana colocadas ao longo de todas as localidades estudadas-refletindo variações microgeográficas e diferenças entre populações atraídas pelos mesmos recursos (banana e frutos) nas várias estações do ano e nos três locais de coleta em épocas comparáveis, refletindo variações estacionais e geográficas. Os resultados até agora obtidos confirmam e ampliam observações feitas anteriormente para a *D. willistoni* por outros trabalhos realizados fundamentalmente com populações experimentais desta espécie, além de apontar associações não ao acaso entre algumas inversões

UN METODO DE TAMIZAJE PARA LA DEFICIENCIA DE LA ENZIMA SORBITOL DESHIDROGENASA {SDH}. (A screening test for sorbitol dehydrogenase {SDH} deficiency). Vaca, G. Sánchez-Corona, J. García-Cruz, D. Medina, C. Wunsch, C. González-Quiroga, G. Ibarra, B. y Cantú, J.M. División de Genética, Subjefatura de Investigación Científica, Unidad de Investigación Biomédica, Centro Médico de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Apartado Postal 1-3838, Guadalajara, Jalisco, MEXICO.

El sorbitol está involucrado en la patogénesis de las cataratas diabéticas. Teóricamente, una deficiencia de SDH conduciría a una acumulación de sorbitol en el cristalino y eventualmente al desarrollo de cataratas. Sobre estas bases desarrollamos un proyecto de investigación con el objetivo de encontrar este "nuevo" error congénito del metabolismo en poblaciones seleccionadas tales como pacientes con cataratas e individuos con hiperglicemia. Decidimos buscar la deficiencia de SDH en eritrocitos ya que las deficiencias de galactokinasa y galactosa-1-fosfato uridiltransferasa, responsables también del desarrollo de cataratas galactosémicas, se expresan en esas células. El propósito de este trabajo es describir un método de tamizaje para la identificación de individuos con deficiencia de SDH. Se basa en la conversión del sorbitol a fructosa catalizada por la SDH cuya actividad se estima visualmente por la reducción de NAD<sup>+</sup> (no fluorescente) a NADH (fluorescente) que ocurre al formarse fructosa. La aparición de fluorescencia indicará que la actividad de SDH está presente en la muestra de sangre, mientras que la ausencia de fluorescencia se deberá a la deficiencia de la enzima. Con este método se han identificado 5 individuos (4 de ellos con cataratas) de una misma familia con deficiencia de SDH confirmada por un método cuantitativo.

CARACTERIZACION DE PROTEINAS CROMOSOMALES EN POBLACIONES CELULARES DEL TESTE DE *Schroederichthys chilensis*, TRATADO CON CICLOFOSFAMIDA. (Characterization of the chromosomal proteins in cell populations of the teste of *Schroederichthys chilensis*, treated with C.F.A). Valdivia, R., Ellahué, M., García, M. T. y Lafuente, N. Departamento de Biología, Laboratorio de Citogenética Experimental, Universidad de Valparaíso.

La Ciclofosfamida (CFA) es un compuesto químico que, por acción de enzimas microsomales, actúa como agente alquilante en el núcleo de células meióticas de acrídidos, produciendo alteraciones en la estructura y comportamiento meiótico de los cromosomas. Debido a su interacción con el DNA, RNA y/o proteínas nucleares.

Las proteínas cromosomales histónicas y no histónicas, determinan en gran parte el estado funcional y estructural de los cromosomas en todas las células eucariontes; por lo tanto, si la CFA altera la composición proteica cromosomal incidirá sobre la funcionalidad y estructura de los cromosomas.

Se obtuvo cromatina desde células del teste de *Sch. chilensis* tratados con CFA, in vivo, según la técnica de Hanckoc (1969), y estudió su espectro de absorción a 230-320 nm.

Desde esta cromatina se extrajo las proteínas cromosomales ácido soluble en 0.25 N H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> y aguas insolubles, según el método de Johns y col.

Las proteínas ácido solubles se caracterizaron según el método de Panyim y Chalkly, en geles de poliacrilmida-Urea y las proteínas insolubles, según el método de Laemmli, en geles de poliacrilmida-SDS.

Los patrones electroforéticos de estas proteínas se compararon con los respectivos patrones electroforéticos de proteínas cromosomales extraídas del teste de *Sch. chilensis*, no tratados con CFA.

**EFEITO DE LA SELECCION Y DE LA CONSANGUINIDAD SOBRE EL PESO DE LA PUPA A LOS 28 DIAS EN TRIBOLIUM CONFUSUM.**

(The effect of selection and inbreeding on 28 day pupa weight of *Tribolium Confusum*). Valenzuela, C., Barria, N. y Alvear, C. Departamento de Producción Animal de la Fac. de Cs. Agrarias, Veterinarias y Forestales. Universidad de Chile. Santiago.

Se estudió el efecto de la selección individual (SO) de la consanguinidad (OC) y de la combinación de selección y consanguinidad (SC) sobre el peso de la pupa de 28 días de edad en cuatro líneas replicadas en *Tribolium confusum*. La cuarta línea correspondió al control (OO). Este estudio se prolongó por 11 generaciones.

Los resultados indicaron una respuesta a la selección de  $0.60 \pm 0.24$  mg y  $0.37 \pm 0.18$  mg por generación para las líneas SO y SC, respectivamente. El promedio fenotípico de la línea OC no mostró alteraciones significativas ( $P < 0.05$ ) durante el experimento. Las estimaciones de  $h^2$  realizada fueron de  $0.32 \pm 0.11$  y de  $0.19 \pm 0.07$  para las líneas SO y SC, respectivamente. La respuesta selectiva de SO fue casi el doble de eficiente que la de SC, lo que concordaría con lo esperado teóricamente.

De los resultados obtenidos podría concluirse que la selección combinada con consanguinidad no presentaría ventajas con relación a seleccionar sólo individualmente y que la característica peso pupal a los 28 días no se deprimiría por el efecto de la consanguinidad.

**EFEITO DA RADIAÇÃO GAMA NA VIABILIDADE DOS OVOS DE MELITTOTIA HAWAIIENSIS.** (Effects of gamma radiation on viability *Melittotia hawaiiensis* eggs). Varanda, E. A., Takahashi, C.S. e Soares, A.E.E. Fac. Medicina de Ribeirão Preto - USP - Deptº de Genética, Brasil.

Os Hymenoptera de um modo geral, favorecem os estudos os efeitos das radiações pois apresentam o sistema haplo-diploide de determinação do sexo, onde os ovos fertilizados desenvolvem-se dando fêmeas diploides e os não fertilizados dão origem a machos haploides. *Melittotia hawaiiensis* é um himenoptero que parasita várias espécies de vespas e abelhas. Quando os machos são irradiados com doses variáveis de radiação gama e depois acasalados com fêmeas normais, a razão sexual dos descendentes é completamente alterada, isto é, aumenta o nº de machos e diminui o nº de fêmeas. Com doses de 15000R ou maiores, os machos tornam-se estereis de tal forma que na F1 só aparecem machos. Verificou-se também que os ovos botados pelas fêmeas que são acasalados com esses machos tem uma viabilidade de muito baixa. Para se fazer estudos de viabilidade em ovos de *Melittotia*, irradiou-se machos adultos com doses de 2500, 5000, 7500, 10000, 12500, 15000 e 20000R os quais foram acasalados com fêmeas normais. As posturas dessas fêmeas foram quantificadas, ou seja, contou-se quantos ovos se desenvolveram até a fase adulta. Verificou-se que nos experimentos controle onde não se usou radiação as porcentagens de eclosões foram muito maiores sendo 87,92% o nº máximo observado enquanto que nos grupos irradiados, à medida que se aumentou a dose de radiação menor foi a taxa de eclosão dos ovos. Essa baixa viabilidade dos ovos foi atribuída a letais dominantes que foram induzidos nos espermatozoides dos machos irradiados.

**USO DE LA MATRIZ MADRE-HIJO PARA ESTUDIAR UN NUEVO SISTEMA DE COMPATIBILIDAD ASOCIADO AL SISTEMA Rh.** (The use of the mother-child matrix in the study of a compatibility system associated to Rh). Valenzuela, Y.C.; Harb, Z.; y Acuña, M. Departamento de Biología Celular y Genética. Facultad de Medicina. Universidad de Chile.

Evidencias previas mostraron que existía una gran distorsión en la segregación del sistema Rh por algún mecanismo no atribuible a sus especificidades. Se postuló que otro sistema de compatibilidad materno-fetal fuertemente ligado y/o fisiológicamente asociado a Rh estaría operando. Decidimos explorar por medio de la matriz madre-hijo la existencia de distorsiones en la segregación de Rh no explicables por las especificidades del sistema. Analizamos 6974 parejas madre-hijo tipificadas con antiD que concurren entre octubre de 1974 y diciembre de 1975 y entre enero de 1977 y setiembre de 1979 a la Maternidad de la Clínica Alemana de Santiago. De estas 6974 parejas, 5721 fueron madres Rh(+)-hijos Rh(+), 449 Rh(+)-Rh(-), 544 Rh(-)-Rh(+) y 260 Rh(-)-Rh(-). Estos resultados se dan por azar con una probabilidad inferior a 0.01. La estructura geneticopoblacional de esta matriz hace improbable la interpretación mediante discriminación positiva o negativa de apareamiento, endo o exogamia y selección debida al sistema Rh. Concluimos que la carencia de pares Rh(+)-Rh(-) y el exceso de Rh(-)-Rh(+) afirma la existencia de otro sistema de compatibilidad materno-fetal.

**VARELLA-GARCIA, M., TAJARA, E.H. & GAGLIARDI, A.R.T. SÍNDROME DE PRADER-WILLI: CORRELAÇÃO CARIÓTIPO-FENÓTIPO.** Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas (UNESP) e Faculdade de Medicina, São José do Rio Preto, SP, Brasil.

A síndrome de Prader-Willi, classificada como possivelmente autossômica recessiva, por McKusick (1978), tem sido associada em vários dos casos descritos com aberrações envolvendo o cromossomo 15. A correlação cariótipo-fenótipo, contudo, é bastante complexa e várias hipóteses tem sido levantadas para explicar a etiologia dessa síndrome, sem que possam esclarecê-la em todos os casos.

Apresenta-se um paciente com quadro clínico compatível com P-W, que mostra em cerca de 50% de suas células um cromossomo acessório: um isocromossomo de braço curto de acrocêntrico ou uma translocação envolvendo o braço curto de 2 acrocêntricos. A análise desse paciente, associado a outros da literatura, parece sustentar a hipótese de que o fenótipo P-W reflete a existência de um mecanismo de regulação bastante complexo, que requer a dosagem gênica correta para funcionar. Essa hipótese permitiria explicar os achados citogenéticos nesta síndrome, tanto nos casos de cariótipo normal (com a ocorrência de mutação pontual) como nos com deleções ou duplicações parciais do braço curto do cromossomo 15. (CNPq).

ESTUDIO CITOGENETICO EN EFUSIONES PLEURALES Y ASCITICAS. (Cytogenetical study in pleural and ascitic effusions). A.L. Vargas y N.C. Magnelli. Instituto de Genética. Facultad de Ciencias Médicas. Universidad Nacional de Cuyo. Mendoza. Argentina.

El estudio citogenético de células de efusiones pleurales o ascíticas de pacientes con cáncer muestra que aquéllas tienen una constitución cromosómica diferente de las células normales. El número de cromosomas es con mucha frecuencia anormal, pero también existen células pseudodiploides, con cariotipo marcadamente diferente del normal. El análisis cromosómico detallado de estas células anormales es de ayuda para el diagnóstico clínico, aun en aquellos casos en los que las técnicas citológicas habituales no pueden dar un resultado definitivo.

Se han estudiado 19 muestras de efusiones pleurales y ascíticas de cualquier etiología, mediante la incubación de las mismas con colchicina durante 90 minutos a 37° C; tratamiento con solución hipotónica de citrato de Na durante 30 minutos. El material se fija en metanol:acético 3:1. Los preparados se obtienen a partir de gotas de esta suspensión, coloreadas con orceína acética.

El análisis reveló la existencia de células con aneuploidías y también la presencia de aberraciones estructurales múltiples y variadas en las muestras que provenían de efusiones tumorales comprobadas en exámenes de anatomía patológica y en las que sin embargo la citología exfoliativa había sido inconclusiva.

El estudio citogenético se torna valioso en el diagnóstico de neoplasia y tiene aplicación clínica inmediata en los casos de pacientes con efusiones de causa inaparente.

TRISOMIA 15q PROXIMAL POR SEGREGACION IMPROPIA MATERNA t(10;15)(q26;q15). (Proximal 15q Trisomy from improper segregation of Maternal Translocation t(10;15)(q26;q15).

Vargas Arenas, J.; Maulino, N. Unidad de Genética Médica y Citogenética. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de Carabobo. Valencia-Venezuela.

De las trisomías parciales reportadas para el cromosoma 15, la q proximal supera, dentro de su infrecuente hallazgo, a la del segmento distal. Mayormente los casos descritos han surgido *de novo*, correspondiendo un número menor a translocaciones parentales que la originaron. El presente informe documenta un caso de Trisomía 15q Proximal, evidenciado en el curso de un estudio de causas genéticas de Retraso Mental, desarrollado en la región Centro-Norte-Costera de Venezuela. El paciente de sexo femenino y de 3 años de edad es hijo único de unión conyugal no consanguínea y producto de embarazo simple a término. No existe historia de abortos. Manifestaciones fenotípicas incluyen: Retraso Mental severo, dismorfia craneofacial, caracterizada por: braquimicrocefalia, frente amplia, cejas pobladas, mejillas plenas, ojos hundidos, estrabismo convergente, pliegues epicánticos internos, labios gruesos. Adicionalmente, úvula bifida, hipoplasia labios mayores, hipotonía muscular, implantación proximal de pulgares, displasia de patrones dermatoglíficos y pies en valgus. Análisis citogenético sobre cultivos linfocitarios mediante técnica para bandas GTG, evidenció cromosoma extra derivativo del segmento proximal del 15, con cariotipo 47,XX+del(15)(pter→q15:). Estudio cromosómico en la madre reveló la existencia de una translocación balanceada del tipo 46,XX,t(10;15)(q26;q15)(10pter→10q26::15q15→15qter;15pter→15q15). El cariotipo no balanceado del propositus es interpretado como consecuencia a la impropia segregación de la translocación materna.

INTERACCION GENOMICA EN HIBRIDOS DE BUFO (AMPHIBIA-BUFONIDAE). Genomic interaction in Bufo hybrids (Amphibia-Bufonidae). Veloso, A. y Penna, M. Unidad de Biología de Vertebrados Dpto. Biol. Cel. y Genética. Fac. de Medicina. Universidad de Chile. Casilla 6556-Stgo 7.

En un trabajo anterior, comunicamos la hibridización entre especies del género Bufo. Esta se refiere a combinaciones B. spinulosusXB. chilensis y B. spinulosusXB. arenarum, en localidades donde sobreponen su distribución geográfica. La condición híbrida fue demostrada por un análisis de la morfología externa, cariotipos y cruzamientos experimentales.

En esta comunicación, entregamos evidencia que demuestra la interacción de los genomas parentales en los híbridos.

La identificación de la Zona Organizadora del Nucléolo (NOR), en cromosomas metafásicos de los híbridos mediante AgAs, demuestra actividad funcional en ambos homólogos del portador de constricción secundaria. Esto es evidencia de compatibilidad genómica.

Los machos parentales, emiten vocalizaciones especie-específicas, que forman parte de su conducta de rechazo sexual. En B. spinulosusXB. chilensis, la señal acústica difiere de la de las especies parentales. B. spinulosusXB. arenarum, tiene en su señal, características semejantes a B. spinulosus.

El cuadro histológico de la gónada de B. spinulosusXB. chilensis, muestra alteraciones de la espermiogénesis y asincronía de estados celulares en los quistes del epitelio seminífero. La gónada de B. spinulosusXB. arenarum es normal en su histología. Financ. Proy. N922/8125 S.D.C.A.C.I. U. Chile.

AÇÃO DO Stryphnodendron obovatum BENTH EM CÉLULAS DE RAÍZES DE Allium cepa E EM CÉLULAS DE MEDULA ÓSSEA DE RATOS WISTAR. (Action of Stryphnodendron obovatum Benth on Allium cepa root tips cells and rats Wistar bone-marrow cells). Vicentini, V.E.P. Fac. Med. Rib. Preto - USP e Takahashi, C. S. Fac. Fil. Ciênc. e Letras de Ribeirão Preto - USP, Brasil.

S. obovatum Benth (Leguminosae, Mimosoideae), conhecido por Barbatimão, é uma planta de cerrado, mais comum no Brasil central. Durante a seca no Nordeste, o gado se vê forçado a ingerir suas favas semi-carnosas, acarretando mortalidade por intoxicação e o aparecimento de lesões hepáticas; é provável que as substâncias responsáveis por esta ação sejam saponinas, que as favas contêm em grande quantidade.

Foram feitos estudos por meio de diferentes tratamentos das células meristemáticas de raízes de A. cepa (cebola), com o extrato das sementes de Barbatimão, onde observamos um decréscimo brusco nas divisões celulares e indução de diferentes tipos de alterações cromossômicas como ponte anafásica, prófase desorganizada, endoduplicação e principalmente metafase-Colchicínica, mostrando o seu efeito anti-mitótico.

Para estudar a possível ação mutagênica do Barbatimão sobre mamíferos, fizemos o estudo citogenético do efeito do extrato de suas sementes em células de medula óssea de ratos Wistar. Os ratos receberam diferentes tipos de tratamentos, com Barbatimão, Colchicina e com ambos, por injeção intraperitoneal e a análise se baseou quanto ao nº de metafases com 2n=42 cromossomos, nº de metafases com cromátides unidas e nº de alterações estruturais. Houve uma variação nos dados entre os diferentes tratamentos com Barbatimão, mas a maioria das metafases estavam com as cromátides unidas. O tratamento com Barbatimão e colchicina por 1:30h apresentou o maior nº de quebras e "gaps".

LAS BANDAS C EN CROMOSOMAS DE TRES ESPECIES DE SCARABAEIDAE, COLEOPTERA. (C-bands in chromosomes of three species of Scarabaeidae, Coleoptera). Vidal, O.R. y Gorostiaga, M.A. Lab. Citogenética, Fac. Ciencias Exact. Nat. U.B.A. 1428 Buenos Aires Argentina.

Son pocos los trabajos dedicados a estudiar la heterocromatina constitutiva en coleopteros con técnicas de bandeado C. Con hidroxido de bario investigamos dos especies de la subfamilia Coprinae: *Eucranium arachnoides* Brulle ( $2n=18$ ,  $n=8+Xy$ ) y *Glyphoderus sterquilinus* Westwood ( $2n=18$ ,  $n=8+Xy_p$ ), y otra perteneciente a Troginae: *Trox borrei* Harold ( $2n=20$ ,  $n=9+Xy_p$ ). *E. arachnoides* y *G. sterquilinus*, que presentan similares cariotipos asimétricos, exhiben pequeñas masas C+ en la región centromérica de los autosomas y los cromosomas sexuales, lo que fué confirmado en células meióticas. En cuanto al cariotipo de *T. borrei* las bandas C+ son pericentroméricas en los 9 pares de autosomas y en el X, en tanto el cromosoma Y es C-.

Se discute la posible relación evolutiva de la heterocromatina constitutiva de *E. arachnoides* y *G. sterquilinus*.

SEX RATIO SECUNDARIO EN RELACION CON LA EDAD PARENTAL Y PARIDAD EN UNA MUESTRA DE VALPARAISO. (Secondary sex-ratio in relation with the parental age and parity in a sample of Valparaiso). Villarroel, H. y Lazo, B. Departamento de Biología, Universidad de Valparaiso.

El sexo es tal vez uno de los factores más importantes que influyen sobre nuestra organización biológica y social. De ahí que el dimorfismo sexual es el más importante de todos los Polimorfismo Humano (Cavalli-Sforza).

Existen una serie de razones para creer que hay un conjunto de factores que alteran la proporción sexual secundaria. Un rol claramente significativo ha sido demostrado para sólo unos pocos de aquellos (Teitelbaum, Mantel Stark). En la presente comunicación se realiza un intento de aportar conocimientos al rol de la edad parental y la paridad en relación al sex ratio secundario.

La información fué obtenida de la maternidad del Hospital "Enrique Deformes", obteniéndose un total de 1.300 fichas de parto, cada una de las cuales contenía además, información del recién nacido actual y de los partos anteriores. Se tomó el universo de 4 meses de 1976 (Enero, Abril, Julio y Octubre). La información extraída de las fichas fue: Edad de ambos padres, Tipo de paridad y sexo del recién nacido. Para el análisis de los datos se aplicaron los siguientes estadísticos: Promedio y Desviación Standard su significancia fue medida por el Test de Student. Los resultados muestran que existen diferencias significativas en las edades de los padres de hijos con los padres de hijas en primíparas y multiparas. El sex ratio secundario disminuye con el aumento de la edad del padre y/o la madre.

En resumen se puede señalar que estos resultados estarían de acuerdo con los encontrados por otros investigadores.

DISTRIBUCION Y ECOLOGIA DE DROSOPHILA SUB-OBSCURA EN UNA MUESTRA DEL JARDIN BOTANICO (V REGION). (Distribution and Ecology of *D. subobscura* in a sample of a Botanical Garden (V Región). Villarroel, H. y Lazo, B. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso.

*D. subobscura* Collin, 1936 es una especie de amplia distribución geográfica, encontrándose en casi toda Europa, excepto en el extremo norte y en los 2/3 septentrional de la península escandinava. Hasta 1977 no se tenía información sobre su presencia en la zona Neotropical, pero en febrero de 1978 se encuentra por primera vez en Chile (Brncic y Budnik); a partir de esa fecha han comenzado los primeros estudios de *D. subobscura* en esta zona.

En la presente comunicación se realiza un intento de aportar conocimientos sobre su distribución temporal y espacial y sus relaciones con otras especies. Las colectas se realizaron durante el período de abril a julio de 1981, en las capturas se utilizaron pequeños recipientes que contenían plátano en fermentación. Se determinaron 5 estaciones de muestreo de acuerdo a la distribución vegetacional. También se obtuvieron datos climatológicos.

Se determinó que *D. subobscura* Collin estaba relacionada con 5 especies de *Drosophila*: *D. simulans*, *D. inmigrans*, *D. repleta* y *D. buskii* (Especies cosmopolitas, Brncic 1970) y *D. pavani* (Especie endémica Brncic 1970). La frecuencia de *D. subobscura* en el tiempo va desde 7,2% hasta 3,19% esta disminución estaría relacionada con 2 factores ambientales: Temperatura y Humedad relativa. Su mayor frecuencia se encuentra en relación con una de las estaciones (A - rea de Palmas).

En resumen, *D. subobscura* ha comenzado a invadir esta área habitada anteriormente sólo por las 5 especies relacionadas con ella y su frecuencia en el tiempo estaría relacionada con factores climáticos.

DISGENESIA GONADAL MISTA XY (XY Mixed Gonadal Dysgenesis). A.M. Vianna-Morgante, C.A. Moreira-Filho; N.F. Naccache e T.H. Chu. (Instituto de Biociências-USP, S. Paulo, Brasil).

Paciente (A.F.O. 080769) apresentou ao exame físico: estatura 146 cm, envergadura 150 cm, pubis-vértice 68 cm, pubis-planta 81 cm, perímetro cefálico 48 cm (abaixo do 2º percentil); hiperplasia de grandes lábios e clitóris; hipoplasia de vagina; gônadas não palpáveis. Laparotomia e exame histológico revelaram: à direita, testículo com estrutura normal e raras espermatogônias, epidídimo e canal deferente; à esquerda, gônada em fita constituída de estroma ovariano indiferenciado e trompa normal; útero rudimentar. Cariótipo 46,XY e antígeno H-Y + (linfócitos de sangue periférico e fibroblastos derivados das gônadas). Esses resultados indicam que a alteração de desenvolvimento sexual deve ser atribuída a mutação somática que alterou ou suprimiu o receptor de antígeno H-Y na gônada embrionária esquerda. (CNPq e FAPESP)

**POLIMORFISMO CROMOSOMICO EN PHYLLOTIS OSGOODI** (Rodentia-Cricetidae). (Chromosomal polymorphism in *Phyllotis osgoodi* (Rodentia-Cricetidae)). Walker, L.I. y Fernández-Donoso, R. Unidad de Citogenética, Depto. de Biología Celular y Genética, Fac. de Medicina, U. de Chile Casilla 6556-Santiago 7 - CHILE.

El estudio de los cariotipos bandeados C y G de 15 ejemplares de *Phyllotis osgoodi* (Pos)  $2n=40$ , muestra un polimorfismo cromosómico de tipo fusión/fisión centroméricas que compromete a los pares 18 y 19 con fórmulas cromosómicas  $2n=40$ ,  $2n=39$ ,  $2n=38$  y  $NF=76$  en 11, 3 y 1 ejemplares respectivamente. En *P. vaccarum*, *P. d. rupestris* y *P. d. chilensis* especies andinas con cariotipos  $2n=38$   $NF=76$  muy similares a Pos pero con abundante heterocromatina constitutiva pericentromérica (HCP), los telocéntricos 18 y 19 de Pos están representados por los brazos 2p y 2q. En *P. magister* y *P. darwini* especie costera, con cariotipos  $2n=38$   $NF=76$  distintos de Pos y sin HCP detectable, dichos pares están también representados por 2p y 2q. Si la comparación se extiende al género *Auliscomys*, se descubre que los 18 y 19 de Pos son iguales a 6 y 11 de *A. micropus* lo que significaría que el ancestro de *Phyllotis* y *Auliscomys* poseía formas similares a los telocéntricos de Pos.

Estos hechos sugieren que el polimorfismo de Pos  $2n=40$  se debería a la fusión de los cromosomas 18 y 19. Sin embargo, no se podría descartar la posibilidad de la recurrencia secundaria de una fisión cromosómica. \*Proyecto Especial Citogenética-OEA-CHILE y Proyecto B-517-8135. SDCACI.

**INFERTILIDAD EN HEMBRAS HIBRIDAS PHYLLOTIS DARWINI/PHYLLOTIS VACCARUM** (Rodentia-Cricetidae). (Infertility in *Phyllotis darwini*/*Phyllotis vaccarum* hybrid females (Rodentia-Cricetidae)). Walker, L.I. y Arrau, J. Unidad de Citogenética, Depto. de Biol. Cel. y Genética, Facultad de Medicina, Univ. de Chile. y \*\*Laboratorio de Endocrinología, I.C.B. Pontificia Universidad Católica, Santiago.

Hemos sugerido que *P. d. darwini* (Pda) y *P. d. vaccarum* (Pva) son especies plenas; que difieren según bandas G en 6 cromosomas de un total de 38, y en la cantidad de heterocromatina constitutiva pericentromérica la que es escasa en Pda y abundante en Pva. Los machos híbridos resultantes de cruzamientos dirigidos son estériles por detención de la meiosis, observándose anomalías en el apareamiento cromosómico y ausencia de espermátidas. El estudio de dos hembras híbridas adultas fenotípicamente normales obtenidas en el laboratorio, mostró ausencia de ciclos estrales y una total disgenesia gonadal con ausencia de células germinales. Se observó además una hipertrofia e hiperplasia del estroma ovárico; posiblemente consecuencia del estímulo gonadotrófico aumentado por la desaparición del feedback negativo que involucra a los esteroides de este órgano. La detección de infertilidad total tanto en machos como en hembras híbridas, confirma el reconocimiento de especies plenas de las formas parentales.

Proyecto Especial de Citogenética O.E.A.-CHILE, B-517-8135 SDCACI. y Grant D.I.U.C. N° 82/81.

**EFFECTO DE LAS LEVADURAS EN LA ALIMENTACION DE IMAGOS DE SCAPTOMYZA MULTISPINOSA M.** (DROSOPHILIDAE). (The effect of the yeast on the nutrition of *Scaptomyza multispinosa* M. imagoes (Drosophilidae)). Winkler, F. y del Solar, E.

Tradicionalmente se ha considerado las drosophilas como consumidores de levaduras y bacterias asociadas a las fases primarias de descomposición de materias vegetales, tanto en sus estados larvario como adulto. Diversos autores han realizado trabajos basados en esta presunción, pero sólo un número limitado de pruebas sostienen este acerto para los adultos.

Cohortes de imagos emergidos de puparios en el laboratorio provenientes de hojas de crucíferas, fueron alimentadas con medios experimentales relacionados con levaduras, y se controló la sobrevivencia en cada uno de ellos.

Las moscas mantenidas en medios fermentados con levaduras (*Saccharomyces cerevisiae*) manifestaron menor sobrevivencia que aquellas alimentadas con el mismo medio sin fermentar. Parte de la calidad del medio se recuperaba al agregarle sucrosa. Levaduras sólo pudieron soportar una pequeña fracción de la población por sobre lo obtenido al darles agua solamente, y mucho menos tiempo que una solución acuosa de sacarosa al 2,5%.

Se discute el rol de las levaduras en la alimentación de los imagos de *S. multispinosa* y posibles interacciones entre ellas.

Financiado por el Proyecto RSM-80-41 D.I. U.A.CH.

**DISGENESIA GONADAL PURA EN GEMELAS IDENTICAS.** (Pure Gonadal Dysgenesis in Identical Twins).

Dr. Ronald Youlton, Dr. Harold Michelsen, T.M. Cecilia Be y Dr. Ricardo Cruz-Coke. Servicios de Genética y Endocrinología, Hospital J.J. Aguirre, Universidad de Chile.

Con el nombre de disgenesia gonadal pura se designa a aquellos sujetos fenotípicamente femeninos con gónadas rudimentarias, que no tienen los estigmas del Síndrome de Turner y cuyo cariotipo es normal XX o XY.

Se presenta el caso de dos gemelas y una hermana, hijas de matrimonio consanguíneo, que presentaron menarquia a los 14 y 13 años respectivamente, seguida de amenorrea definitiva. La determinación de ocho sistemas sanguíneos demostró monozigocidad de las gemelas. En las tres pacientes el cariograma fue 46XX. FSH plasmático estaba en el rango post menopáusico en las tres hermanas. El estudio del resto de la función hipofisiaria fue normal.

Se efectuó laparoscopia que demostró disgenesia ovarica bilateral en las tres pacientes con características histológicas de estroma cortical sin folículos.

Se discute la etiología del cuadro y su modo de transmisión hereditaria.

ANÁLISIS DE VARIANZA DE ALGUNOS CARACTERES ANTROPOMÉTRICOS. VARIABILIDAD GENÉTICA INTRAPOBLACIONAL. (Analysis of variance of some anthropometric traits. Intrapopulation genetic variability). Zambrano, E., Reyes, J. y Campusano, C. Departamento de Biología, Universidad de Valparaíso.

Estudios previos realizados en la ciudad de Valparaíso han demostrado una cierta heterogeneidad genética, ya que factores socioeconómicos, étnicos y migracionales han determinado la formación de agrupaciones intrapoblacionales, además de una distribución diferencial de las frecuencias génicas en la ciudad. La presente comunicación pretende captar esta variabilidad intergrupo utilizando mediciones cefálicas de naturaleza poligénica.

Se obtuvo una muestra al azar de 630 estudiantes (305 hombres y 325 mujeres) de la ciudad de Valparaíso. Todos los individuos muestreados fueron distribuidos en dos agrupaciones de acuerdo a nivel socioeconómico, origen étnico y sistema sanguíneo ABO. De cada individuo se obtuvieron 12 mediciones cefálicas lineales. La segregación de la muestra de acuerdo con las variables señaladas permitió llevar a cabo un análisis de varianza para cada medición cefalométrica entre ambas agrupaciones. Los 12 test de F fueron no significativos a un nivel del 5%, estando todos los valores dentro del intervalo 0,95 - 2,18.

En general, los resultados obtenidos permitirían concluir que estos caracteres morfométricos de herencia poligénica no permiten diferenciar entre agrupaciones subpoblacionales en la población urbana de Valparaíso.

ACCIÓN DEL CLOMID EN RATONES: ABERRACIONES CROMOSÓMICAS Y TEST DEL MICRONÚCLEO. (The action of Clomid in mice: chromosome aberrations and micronucleus test). Zambrano, M.A., Targa, H.J. y Rabello-Gay, M.N. Univ. de los Andes, Venezuela; Depto. de Biol., USP; Inst. Butantan, S.P., Brasil.

La acción clastogénica del citrato de clomifene (Clomid) - compuesto usado en la inducción de la ovulación en mujeres estériles - fue analizado através del test de micronúcleo y de aberraciones cromosómicas en células de médula ósea de Mus musculus. Fueron realizados tratamientos orales con dosis correspondientes y cien veces más grandes que la dosis terapéutica (50mg/día / 5 días).

En ninguno de los tratamientos se encontraron diferencias significantes entre las frecuencias de micronúcleos, ni de células con aberraciones cromosómicas de los animales tratados y sus controles.

SOLUCIONES SALINAS FISIOLÓGICAS COMO MEDIO ÚTIL EN LAS PREPARACIONES DE MICRONÚCLEO Y METAFASES. (Physiological saline solutions as a useful tool in micronucleus and metaphase slide preparations). Zambrano, M.A., Targa, H.J. y Rabello-Gay, M.N. Univ. de los Andes, Venezuela; Depto. de Biología, USP; Inst. Butantan, S. Paulo, Brasil.

El test del micronúcleo (MN) es ampliamente usado como indicador de agentes clastógenos, o que actúan a nivel del huso mitótico. En la técnica original es recomendado el uso del suero fetal de ternera. Ante la creciente dificultad para su obtención, se intenta sustituirlo por sustancias de más fácil adquisición y que den resultados satisfactorios. Das y Kar (1980) propusieron el uso de la solución hipotónica de citrato de Na al 1%. Nosotros obtuvimos excelentes resultados empleando ClNa al 0,9%, o Ringer para mamíferos, tanto para el test del MN, como para el análisis de metafases de la médula ósea.

SOBRE LOS EFECTOS DE LA ACTINOMICINA-D EN LOS CROMOSOMAS DE Schistocerca cancellata (Orthoptera-Acridae): II. EL CROMOSOMA X. (On the effects of Actinomycin-D on chromosomes of Schistocerca cancellata. (Orthoptera-Acridae): II. The sex chromosome. Zamorano, E., García, M.T., Ellahueñe, M., Valdivia, R. y Lafuente, N. Departamento de Biología, Laboratorio de Citogenética Experimental, Universidad de Valparaíso.

Se ha establecido que muchos compuestos atacan - las bases nitrogenadas del ADN específicamente y que como resultado de esa selectividad en su acción producen quiebre cromosómico localizado. Es sabido que la AcD se intercala entre pares G-C (Muller y Crother, 1968). De acuerdo a ello y como resultado de la aplicación de la droga deberían producirse alteraciones en la estructura cromosómica, si es así, ellas deberían mostrar una localización determinada. Se utilizaron dos grupos de ejemplares machos adultos a uno de los cuales se le trató con 60 µg/ml de AcD por individuo, siendo el otro usado como control. Los sacrificios se realizaron a: 24-36-48 y 72 hrs. de tratamiento y las preparaciones se confeccionaron mediante la técnica del aplastado. Del análisis de espermatoцитos al estado de diploteno, se puede establecer que el antibiótico induce: i) Quiebres localizados de isocromátidas y cromátida y ii) Patrón de bandeado cromosómico. Nuestros resultados indican que existe una correspondencia entre las zonas eucromáticas (interbandas) con los puntos de quiebre.

Esos hallazgos favorecen así la explicación de - quiebre cromosómico localizado como debido a la composición de bases de esas regiones aunque no podemos demostrar inequívocamente que el componente protéico del cromosoma sea también afectado por la acción de la droga.

SOBRE LOS EFECTOS DE LA ACTINOMICINA-D EN LOS CROMOSOMAS DE *Schistocerca cancellata* (Orthoptera-Acrídidae): II. Los autosomas (On the effects of Actinomycin-D on chromosomes of *Schistocerca cancellata* (Orthoptera-Acrídidae): I. The autosomes. Zamorano, E., García, M.T., Ellahueñe, M., Valdivia R. y Lafuente, N. Departamento de Biología, Laboratorio de Citogenética Experimental, Universidad de Valparaíso.

La AcD, antibiótico que inhibe la síntesis de ARN (Kersten, Kersten y Raven, 1960) se sabe induce quiebre cromosómico en células de mamíferos (Oster-tag y Kersten, 1965) así como en otros sistemas entre los que se cuentan las células de la línea germinal en insectos (Jain y Singh, 1967). Estos últimos autores pesquisaron daño cromosómico durante las mitosis espermatogoniales no ocurriendo así en citos. Hemos querido en esta oportunidad testar la acción de esta droga prolongando los tiempos de tratamiento y observar si se producen alteraciones cromosómicas, si es así, determinar su naturaleza. Se usaron dos grupos de machos adultos a uno de los cuales se trató con 60 µgr/ml de AcD permaneciendo el otro como control. La gonadotomía se realizó sistemáticamente a las 24-36-48 y 72 hrs. post-tratamiento y las preparaciones se confeccionaron de acuerdo a la técnica de aplastado. Hemos podido determinar que el antibiótico induce: i) Puentes anafásicos y ii) Quiebres de cromosoma y cromátidas.

Estos resultados se discuten a la luz del modo de acción de la AcD.

LOS CONFLICTOS QUE SE GENERAN EN TORNO AL PROCESO DE ASESORAMIENTO GENETICO. SU ELABORACION DESDE UNA PERSPECTIVA PSICOLOGICA Y MEDICA EN UN GRUPO INTERDISCIPLINARIO. Conflicts which are generated by the process of genetic counselling. Their processing from a psychological and medical standpoint within an interdisciplinary group.

Dr. Zanier J. Lic. Santangelo Horacio. Dr. Roubicek M. Lic. Crespo S. Lic. Vecchi S. Instituto de Genética de la Asociación de Genética Humana, Mar del Plata, Argentina. En el curso del proceso de asesoramiento genético se pueden identificar distintas situaciones de conflicto. Las inherentes a la problemática que plantea la genética médica, las que atañen a las personas, que conforman el equipo asesorador, y las que surgen de los factores intervinientes en la instalación del vínculo asesorador consultante. Describimos dos formas parciales de integración de la psicología a la genética. Concluimos con la exposición de una actitud integrativa, que entroncada en una concepción interdisciplinaria y basada en objetivos de prevención tienden a transformar el concepto mismo de asesoramiento genético. Se precisan las condiciones mínimas de funcionamiento de un equipo de estas características integrado por genetistas y psicólogos, trazando lineamientos básicos de formación de los mismos para dicha tarea.

**SIMPOSIO Nº 4**

**CONSEJO GENETICO EN LATINOAMERICA. PROBLEMAS DE COMUNICACION, TRATAMIENTO Y PREVENCION EN AMERICA LATINA: UNA VISION GLOBAL** (Genetic counselling in Latin America: Problems of communication, treatment and prevention in Latin America: A general review). *Villalobos, Heber*. Facultad de Medicina, Unidad de Genética Médica. Maracaibo-Venezuela.

En Latinoamérica el concepto de "problema de salud pública" ha variado muy poco en las últimas décadas, por esta razón a las enfermedades hereditarias no se les da la importancia real que tienen: son escasos los programas médico-sanitarios que se relacionan con la problemática hereditaria.

La mayoría de los profesionales del sector salud no han recibido información en pregrado ni en postgrado sobre enfermedades hereditarias. Igualmente desinformados sobre esta problemática están las comunidades de la región, existiendo una serie de tabúes y prejuicios sobre enfermedades hereditarias, lo cual unido a otros patrones culturales y a conceptos éticos y religiosos, complican la situación.

Adicionalmente, las legislaciones sanitarias y códigos de ética médica no han sido modificados para adecuarlos a las exigencias y realidades actuales.

La aplicación de los avances científico-tecnológicos a la genética humana ha aumentado el número de pruebas diagnósticas y terapéuticas sobre las cuales basar el asesoramiento.

El desarrollo de técnicas de análisis cromosómico, bioquímico e inmunogenético, conjuntamente aplicadas con los métodos de exploración fetal (amniocentesis, fetoscopia y ultrasonografía) han conformado el apasionante capítulo del diagnóstico prenatal, campo propicio para ejercer el asesoramiento genético ligado al tratamiento y la prevención.

La comunicación en el asesoramiento genético confronta problemas derivados del emisor y de los receptores.

Los del emisor están dados por la falta de recursos humanos en genética humana, para cubrir una población grande y dispersa geográficamente; recursos humanos que no están distribuidos equitativamente.

Los derivados de los receptores están constituidos por los siguientes:

a) falta de información de las comunidades sobre las enfermedades hereditarias.

b) la existencia de patrones culturales, así como de valores éticos y religiosos, que definen los esquemas de comportamiento del latinoamericano, siendo difíciles de modificar.

c) la legislación sanitaria y los códigos de ética médica anacrónicos y obsoletos, determinan problemas comunicacionales, creando situaciones de conflicto entre lo que científica y técnicamente pudiera hacerse y lo que legal y éticamente es permisible.

El tratamiento y la prevención en genética médica se basan en un sólido diagnóstico.

Por ser la genética médica una disciplina de muy reciente desarrollo, las técnicas, metodologías y conceptos aplicados no están lo suficientemente consolidados, encontrándose en fase de ajuste. Es notoriamente mayor lo alcanzado en materia de diagnóstico que de tratamiento y prevención.

La metodología aplicada al diagnóstico, tratamiento y prevención en genética médica, requiere de grandes inversiones, de recursos humanos altamente especializados y la cobertura es limitada. Además, las enfermedades hereditarias no son las de mayor relevancia en Latinoamérica y en consecuencia no son prioritarias en estos momentos.



EVIDENCIAS CROMOSOMICAS DE DIMORFISMO SEXUAL EN *Orestias laucaensis* (Peces, Cyprinodontiformes). (Caryological evidences of sexual dimorphism in *Orestias laucaensis*. (Pisces, Cyprinodontiformes). Arratia, G. y Cajardo, G. Museum of Natural History, University of Kansas y ras. de Medicina Norte, Universidad de Chile.

El género *Orestias*, endémico de América del Sur, presenta numerosas especies que habitan altitudes superiores a 2000m.s.n.m. en el conglomero andino. *Orestias*, a semejanza de otros ciprinodontiformes, presenta dimorfismo sexual en una serie de características externas. En el presente trabajo se presentan evidencias de ciertas diferencias cromosómicas entre ambos sexos en *Orestias laucaensis*.

Se seleccionaron 84 placas cromosómicas de epitelio branquial e intestinal de especímenes machos y hembras de *O. laucaensis*, provenientes del Río Lauca (Altiplano de Chile). Las preparaciones cromosómicas se obtuvieron según técnica modificada de Legendre (1975).

*Orestias laucaensis* presenta 51 cromosomas en hembras y 52 en machos. Ambos sexos comparten los siguientes tipos de cromosomas: 1 par metacéntrico, 1 par submetacéntrico, 2 pares subtelocéntricos y 1 par de microcromosomas. Los machos muestran además un par de heterocromosomas constituidos por un telocéntrico y un cromosoma pequeño indefinible. Las hembras solo presentan el cromosoma pequeño. Se discute el significado del heteromorfismo cromosómico encontrado.

Trabajo financiado por Proyecto N B 748-803, Serv. D.C. y Coop. I, U. de Chile y Programa MAB 6, UNESCO, N 1105-77-01

PRESENCIA DE ODONTOPHRYNUS AMERICANUS (ANURA, LEPTODACTYLIDAE) TETRAPLOIDE EN LA PROVINCIA DE CORDOBA. Barale, C. D. de, María, G. A., di Tada, I. E. y Lisanti, J. A. Depto. de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto.

Se realizó el estudio morfológico y citológico de una población de *Odontophrynus americanus* de la localidad de Río Cuarto (provincia de Córdoba), describiéndose las características morfológicas (coloración y medidas) en una muestra de 50 ejemplares. En 19 individuos se efectuó el estudio citogenético por método directo, a partir de suspensiones celulares de médula ósea, bazo y testículo. Todos los ejemplares mostraron un número cromosómico de  $2n = 4x = 44$ , con constricciones secundarias en el grupo 11. Se discute la distribución de la forma tetraploide en la provincia de Córdoba.

ELETROFORESE NA SELEÇÃO DE TOMATEIROS RESISTENTES A NEMATÓIDES. (Screening nematodes resistant tomatoes with electrophoresis). Medina Filho, H.P.: Seção de Genética, Instituto Agronômico, Campinas, SP. Brasil.

Estudou-se o emprego da eletroforese em gel de amido na seleção para resistência a nematóides em tomate.

Cerca de 50 introduções foram avaliadas em relação a caracteres agronômicos, resistência a nematóides (*Mi*) e classificadas quanto ao genótipo do locus 1 de fosfatase ácida (*Aps-1*).

Materiais suscetíveis se mostraram homocigotos *Aps-1<sup>+</sup>/+*. Entre linhagens e cultivares resistentes encontraram-se homocigotos *Aps-1<sup>+</sup>/+* e *Aps-1<sup>1</sup>/1*, enquanto híbridos comerciais têm o genótipo *Aps-1<sup>+</sup>/+* ou *Aps-1<sup>1</sup>/1*. Verificou-se que materiais resistentes *+/+* se originaram do programa Hawaii, enquanto os de genótipo *1/1* são oriundos da Califórnia. O alelo *Mi* presente em ambas as fontes é derivado de uma planta *F<sub>1</sub>* do cruzamento *L. esculentum* x *L. peruvianum*. Um X-over entre *Aps-1<sup>+</sup>* e *Mi* durante a incorporação de *Mi* em *L. esculentum* explica a ocorrência do genótipo *Aps-1<sup>+</sup>/+* nos materiais resistentes do Hawaii. Cultivares da Califórnia e seus derivados mantiveram a associação original *Aps-1<sup>1</sup> - Mi* presente em *L. peruvianum*.

Valores de ligação entre *yv - coa - c* (chrom. 6 L) confirmaram resultados anteriores. Nenhum recombinante entre *yv - Aps-1 - Mi* foi encontrado. O valor máximo de recombinação calculado ao nível de 99% probabilidade entre *yv - Aps-1* de 0,082 cM (5591 gametas) e para o intervalo (*yv, Aps-1*) - *Mi*, de 0,894 cM (513 plantas), indicando alta confiabilidade da seleção para resistência baseada na escolha de plantas com *Aps-1<sup>1</sup>*.

SEGREGACION DEL CARACTER "PERIODO VEGETATIVO" EN UN CRUZAMIENTO ENTRE DOS CULTIVARES DE TRIGO (*Triticum aestivum*). (Vegetative period segregation resulting from crossing one winter and spring wheat cultivar). Mellado, M. Programa de Cereales, Estación Experimental Quilamapu, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chillán.

En la última década se ha dado mucho énfasis al mejoramiento genético del trigo mediante cruzamientos entre cultivares invernales y primaverales.

Desde 1974 a 1979 se efectuaron cruzamientos entre el cultivar de invierno "Manella" y el cultivar de primavera "Antufén". Durante este período se evaluó el período vegetativo (tiempo transcurrido desde la siembra a emisión de la espiga), en los progenitores, híbridos *F<sub>1</sub>* y primera generación segregante (*F<sub>2</sub>*).

Los datos indicaron que en este tipo de cruza se obtienen plantas de trigo con diferente período vegetativo, con un rango que en general varía entre los dos progenitores.

El resultado práctico de esta investigación radica en la obtención de cultivares de trigo con ciclo vegetativo intermedio entre un trigo de invierno y uno de primavera, lo que permite sembrar este cereal, durante un período más largo y continuado de tiempo.

NUMERO Y COMPORTAMIENTO CROMOSOMICO EN Atriplex repanda Phil. (Number and chromosome behaviour in Atriplex repanda Phil.).

Moreno, V. Raúl y Gómez, Gladys. Lab. Citogenética, Depto. Cs. Biológicas, Universidad de La Serena, La Serena.

Atriplex repanda Phil., es una especie nativa del norte chileno, muy promisorio como forraje y que se ha usado extensamente en los programas de reforestación del secano costero. Su alta variabilidad inter-poblacional ofrece la oportunidad de someterla a una mejora genética, por lo que es interesante conocer su nivel de ploidía.

El número y comportamiento cromosómico se determinó en aplastados de células madre del polen, teñidos con propionicarmin. Las muestras se obtuvieron de 20 procedencias, establecidas en campo experimental, que abarcan la mayor parte del área de distribución de la especie.

En todas las muestras estudiadas se encontró un número de 36 cromosomas, que se asocian preferentemente en 18 II, con una muy baja frecuencia de univalentes y tetravalentes. La segregación y distribución de los cromosomas es normal, sin que se observe pérdida de material cromatínico. Los granos de polen poseen una alta capacidad tintorial que se usó como medida de su androfertilidad.

Los antecedentes bibliográficos indican, que tanto el género Atriplex, como la familia Chenopodiaceae poseen un número básico  $x=9$ , por lo que Atriplex repanda sería una especie tetraploide  $2n=4x-36$ .