

CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE UNA PAREJA DE *Aotus* (*Cebidae: Platyrrhini*): ESTUDIO PRELIMINAR

HERNÁNDEZ, J.¹, SALGADO, C.², ROMERO, N.³, MONSALVE, H.⁴,
BERNAL, J.^{1,2}

¹ Centro de Biología Molecular, Gimnasio Campestre.

² Red Colombiana de Genética PREGEN. ³ Biología,

Pontificia Universidad Javeriana. ⁴ Parque Zoológico Jaime Duque.

centrobiomol@campestre.edu.co

Aotus es el único primate nocturno del neotrópico, este género se distribuye desde Panamá hasta Argentina, teniendo una alta radiación en la región Amazónica, especialmente en Perú y Ecuador. Se alimentan principalmente de frutas, insectos, néctar y hojas. *Aotus* se encuentra desde el nivel del mar hasta 1.000 m de altura, poseen un bajo rango de tolerancia a las temperaturas entre 28 y 30°C. Han sido utilizados como fuente de alimento por varias poblaciones indígenas. Además, sirven como animales de laboratorio en investigaciones biomédicas. Comercialmente representan un mercado como especie doméstica. En este estudio se caracterizaron a nivel citogenético una pareja de *Aotus trivirgatus* según la catalogación dada por el Parque Zoológico Jaime Duque, donde se encuentran en cautiverio. La pareja de primates convive desde hace 30 meses aproximadamente sin ningún resultado de reproducción, y no se tenían datos de procedencia geográfica. Para la caracterización se utilizaron técnicas citogenéticas convencionales y se realizó bandeo G. La *Aotus* hembra presentó un cariotipo con 2n=54, lo que presumiblemente la ubica como originaria de la Costa Atlántica y perteneciente a la especie *lemurinus*, subespecie *griseimembra*. El *Aotus* macho presentó un cariotipo con 2n=53 con dos líneas celulares. 90% de las mitosis observadas mostraron un cromosoma 1 formado por una fusión robertsoniana simple de los cromosomas 13 y 14 característica de las poblaciones del norte de Colombia *Aotus lemurinus griseimembra sensus*. En estas células se observó una delección del brazo largo de uno de los cromosomas del par 15. El otro 10% de células evaluadas presentó en adición a la otra línea celular una delección o pérdida completa del cromosoma 15 y una trisomía del par sexual, XXY, (síndrome de Klinefelter en humanos). Estas observaciones podrían explicar la esterilidad del *Aotus*. El cariotipo observado por este macho nos permite concluir que es originario de la Costa Atlántica.

ANÁLISIS DE LOS POLIMORFISMOS DE LONGITUD DE LOS FRAGMENTOS DE RESTRICCIÓN (RFLP) DEL GEN RIBOSÓMICO 18S RNA DE NUTRIA GIGANTE DE RÍO *Pteronura brasiliensis*

HERNÁNDEZ, J.¹, ACOSTA, A.², GUTIÉRREZ, A.¹, HOYOS, M.¹,
ESGUERRA, A.¹, MERIZALDE, D.¹, BERNAL, J.¹ GRUPO DE
INVESTIGACIÓN EN GENÉTICA MOLECULAR DE NUTRIA
DE RÍO DEL GIMNASIO CAMPESTRE

¹ Centro de Biología Molecular, Gimnasio Campestre. ² Biología,
Pontificia Universidad Javeriana. centrobiomol@campestre.edu.co

La nutria gigante de río *Pteronura brasiliensis* es un mamífero carnívoro de la familia Mustelidae, a la cual pertenecen también las tairas, las martas y los hurones. La nutria es considerada por el

CITES como una especie vulnerable y por la IUCN como especie en peligro de extinción. Por esta razón, el Centro de Biología Molecular del Gimnasio Campestre inicio un proyecto de genética conservacionista que pretende proveer información utilizable para el análisis, tanto de la especie *P. brasiliensis* como de sus familiares mas cercanos, y de esta forma, proponer planes de manejo de la especie y su hábitat previniendo su extinción.

Con el fin de identificar las bondades de la metodología de RFLP se realizó un análisis de un fragmento del gen ribosómico 18S RNA de 2 nutrias gigantes de río, el cual se amplificó por PCR y después se cortó con las enzimas de restricción Hind III, EcoR I, BamH I, Hinf I, Bgl I, Xba I y Sal I. Los perfiles electroforéticos observados son iguales para las 2 nutrias, hembra y macho. Las enzimas Hind III, EcoR I, Bgl I y Xba I no cortaron el fragmento del gen 18S RNA, por el contrario, las enzimas BamH I, Hinf I y Sal I si cortaron el fragmento del gen 18S RNA. La enzima BamH I produjo 3 bandas de aproximadamente 30, 40 y 230 pares de bases. La enzima Hinf I produjo 2 bandas de 200 y 100 pares de bases aproximadamente y la enzima Sal I produjo 2 bandas de peso molecular muy parecido a las bandas producidas por la enzima Hinf I de 190 y 110 pares de bases aproximadamente. La metodología de RFLP provee un invaluable recurso para mapeo genético.

DETERMINACIÓN PARCIAL DEL MAPA DE RESTRICCIÓN DEL DNA MITOCONDRIAL DE LA NUTRIA GIGANTE DE RÍO *Pteronura brasiliensis* Y COMPARACIÓN CON OTROS MUSTÉLIDOS COLOMBIANOS EN CAUTIVERIO

SAMPER, M.¹, HERNÁNDEZ, J.², BERNAL, J.²

¹Centro de Biología Molecular, Universidad de los Andes.

²Centro de Biología Molecular.

La nutria gigante de río *Pteronura brasiliensis* es un mamífero carnívoro de la familia Mustelidae, a la cual pertenecen también las tairas y los hurones. La nutria es considerada por el CITES como una especie vulnerable y por la IUCN como especie en peligro de extinción. Por esta razón, el Centro de Biología Molecular del Gimnasio Campestre inicio un proyecto de genética conservacionista que pretende proveer información utilizable para el análisis, tanto de la especie *P. brasiliensis* como de sus familiares mas cercanos, y de esta forma, proponer planes de manejo de la especie y su hábitat previniendo su extinción.

En esta investigación se diseñaron seis parejas de oligonucleótidos "primers" universales que delimitan cerca de 100% del DNA mitocondrial (mtDNA) de mamíferos. Estas secuencias fueron diseñadas previa alineación de la secuencia descrita del mtDNA de humanos, ballena, foca, rinoceronte, gato, burro y perro. Se estandarizaron protocolos para la obtención de DNA de nutrias, hurones y tairas a partir de muestras de pelo y para amplificar por PCR una región del mtDNA de estos tres Mustélidos. La reacción fue exitosa para tres pares de oligonucleótidos: mt01-mt02, mt07-mt08 y mt11-mt12 que amplificaron fragmentos respectivamente de 2.900, 2.800 y 3.200 pares de bases aproximadamente. Esta amplificación representa 54% del mtDNA de Mustélidos. El fragmento amplificado de 3.200 pares de bases de nutria, hurón y taira que delimitan los oligonucleótidos mt11-mt12 fue purificado del corrido electroforetico y analizado con ocho enzimas de restricción: BAM I, Bgl I, EcoR I, Hha I, Hind III, Hinf I, Sal I y Xba I. A partir de este análisis se obtuvo el mapa físico experimental de esta región del genoma mitocondrial. De otra parte, se realizó el mapa físico de restricción teórico con las mismas endonucleasas para la secuencia del mtDNA descrita para los siete mamíferos que delimitan los oligonucleótidos mt11-