

## EVOLUCIÓN

**Estudio de la variabilidad cromosómica en el género *Nectomys* (Rodentia, Cricetidae, Sigmodontinae)**

De Cena, R., Labaroni, C., Buschiazzo, L., Torres, J., Lanzone, C.

Laboratorio de Genética Evolutiva, FCEQyN, IBS, UNaM-CONICET.  
 rominavanessadecena@gmail.com

Los roedores del género *Nectomys* son oryzomyinos con adaptaciones a la vida semiacuática. El género comprende 6 especies, de las cuales 5 se encuentran bien definidas cariotípicamente. *N. palmipes* ( $2n= 16/17$ ; NFa= 25-29), *N. magdalenae* ( $2n= 34$ ; NFa= 40), *N. apicalis* ( $2n= 38, 42$ ; NFa= 40), *N. rattus* ( $2n= 52+0-3B$ ; NFa= 52) y *N. squamipes* ( $2n= 56+0-3B$ ; NFa= 56). Estas variaciones cromosómicas corresponden a la presencia de translocaciones Robertsonianas y cromosomas B. El objetivo de este trabajo fue analizar la variabilidad cromosómica del género mediante datos publicados y datos novedosos de *N. squamipes* de la provincia de Misiones. Las especies del género presentaron un patrón cromosómico bimodal, con predominancia de sólo un tipo de cromosomas: acrocéntricos o bibraquiados. *N. rattus* y *N. squamipes* presentan cariotipos relacionados y comparten polimorfismos para los cromosomas sexuales y cromosomas B, lo que sustenta su estrecha relación filogenética. Adicionalmente, *N. rattus* presenta una fórmula cariotípica similar a la propuesta como ancestral para sigmodontinos. *Nectomys palmipes* posee un complemento cromosómico muy reducido y es la única que posee la mayoría de sus cromosomas bibraquiados, apartándose del patrón general del género. Esto indica una mayor reestructuración del complemento cromosómico en su evolución, como ha sido observado en otros roedores con cariotipos altamente reducidos. Adicionalmente, se analizaron siete individuos de *N. squamipes* de las localidades de Campo San Juan (N= 3), Forestal Belga (N= 3) y Jardín América (N= 1) de la provincia de Misiones, Argentina. En las tres localidades se detectó la presencia de cromosomas B y polimorfismos para los cromosomas sexuales. Además, presentaron un NFa mayor al descrito previamente debido a la presencia de dos pares adicionales de cromosomas bibraquiados, revelando así una diferenciación de estas poblaciones. Nuestros resultados amplían el rango conocido de estos polimorfismos para *N. squamipes*, e indican una evolución cromosómica compleja y particular para cada una de las especies del género.

Subsidiado por: PICT N° 537, Agencia I+D+i.