

(Formerly MENDELIANA)



September 2025
Volume XXXVI
Issue 1 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6233

BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

Journal of the Argentine Society of Genetics
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

www.sag.org.ar/jbag
Buenos Aires, Argentina

GPE 13

REVELANDO LA DIVERSIDAD GENÉTICA, ESTRUCTURA POBLACIONAL E HISTORIA EVOLUTIVA DE *Physalaemus biligonigerus* (ANURA: LEPTODACTYLIDAE) CON MARCADORES MITOCONDRIALES Y GENÓMICOS

Schneider R.G.^{1,2}, M.M. Malleret³, F. Brusquetti⁴, C. Borteiro⁵, F. Kolenc⁵, N. Basso⁶, D. Barrasso⁶, C.F.B. Haddad⁷, A. Camargo², D. Baldo³. ¹Universidad Nacional de Misiones (UNAM), Misiones, Argentina; ²CENUR Noreste, sede Rivera, Universidad de la República. Rivera, Uruguay; ³Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNAM, Misiones, Argentina; ⁴Instituto de Investigación Biológica del Paraguay, Asunción, Paraguay; ⁵Sección Herpetología, Museo Nacional de Historia Natural, Montevideo, Uruguay; ⁶Instituto de Diversidad y Evolución Austral, CONICET, Chubut, Argentina; ⁷Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, São Paulo, Brasil. rosioschneider@gmail.com

Physalaemus biligonigerus es una especie de anuro ampliamente distribuida en el sur de la región Neotropical, ocupando diversos biomas como Chaco, Pampas, Yungas, Espinal y Selva Atlántica. Esta rana presenta una notable variabilidad morfológica, especialmente en tamaño y patrones de coloración dorsal, que sugieren una compleja historia evolutiva. Con el objetivo de comprender su estructura genética e historia poblacional, se combinaron datos mitocondriales (genes COI y 16S) y datos genómicos (~4700 SNPs obtenidos mediante ddRADseq) de 240 ejemplares de todo su rango geográfico, realizando análisis clásicos de filogeografía. Ambos sets de datos revelaron alta diversidad genética y estructuración geográfica, aunque con discrepancias entre los tipos de marcadores. Los análisis mitocondriales identificaron seis linajes con elevada diversidad haplotípica y sin señales claras de expansión demográfica, lo que sugiere estabilidad poblacional. En cambio, los datos genómicos delimitaron tres grupos con distribución definida: una población en Uruguay, sur de Brasil y noreste argentino; otra en el centro de Argentina y gran parte de Paraguay; y una tercera en el norte de Paraguay y Mato Grosso (Brasil). Se observó mezcla genética en zonas de contacto, indicando posible flujo génico pasado y/o presente. Los quiebres genéticos coinciden con grandes ríos como el Paraná y el Apa, que podrían haber actuado como barreras geográficas. Estos hallazgos subrayan el valor de enfoques multilocus para explorar procesos evolutivos en especies ampliamente distribuidas.

GPE 14

LINAJES MITOCONDRIALES DE *Salminus brasiliensis* (PISCES, BRICONIDAE): IMPLICANCIAS PARA SU CONSERVACIÓN EN EL ARROYO YABOTÍ, MISIONES

Morales Flores A.M.^{1,2,3}, P.R. Araya*, C.F. Argüelles².

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones (UNAM), Misiones, Argentina; ²Grupo de Genética Aplicada, Departamento de Genética, FCEQyN, UNAM, Misiones, Argentina; ³Instituto de Biología Molecular de Rosario, Facultad de Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de Rosario *Actualmente jubilada. moralesflores@ibr-conicet.gov.ar

Salminus brasiliensis, conocido como “dorado”, con amplia distribución geográfica en Argentina, Brasil, Uruguay, Paraguay y Bolivia, está categorizado, en Argentina, como Especie Vertebrada de Valor Especial (EVVE). Los estudios genéticos en esta especie se han centrado principalmente en aspectos taxonómicos y reproductivos. Sin embargo, la incertidumbre taxonómica que la rodea dificulta el diseño de estrategias y actividades efectivas de conservación en ambientes naturales y protegidos. Este trabajo tuvo como objetivo identificar unidades taxonómicas operativas moleculares (UTOMs) de *S. brasiliensis* en las cuencas Alta, Media y Baja del arroyo Yabotí, afluente de la red hidrográfica de la Reserva de Biosfera Yabotí (Misiones). Se amplificó y secuenció una región de 580 pb del gen mitocondrial COI a partir del ADN obtenido de escamas de 51 individuos. El análisis comparativo con la base de datos BOLD permitió identificar siete haplotipos (H1-H7; $h=0,0629$), distribuidos de forma desigual. El H1 fue el haplotipo más frecuente ($n=0,571$) con amplia distribución a lo largo de las tres cuencas mientras que el H6 fue exclusivo de la cuenca Baja. El árbol filogenético obtenido, junto con la elevada distancia genética intraespecífica estimada (6,58%), sugiere la presencia de dos linajes mitocondriales dentro de la especie. Estos resultados demuestran la existencia de al menos dos UTOMs para *S. brasiliensis* en el arroyo Yabotí, un hallazgo clave para el diseño de estrategias de conservación más precisas y efectivas para la especie, teniendo en cuenta la diversidad genética local.