

## **Filogeografía de *Physalaemus santafecinus* (Anura: Leptodactylidae), un endemismo del Noreste Argentino y Sur de Paraguay**

Velazco AN; Schneider RG, Baldo JD

*Laboratorio de Genética Evolutiva “Claudio Juan Bidau”, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM), Posadas, Argentina*

*Physalaemus santafecinus* es una especie de rana de aspecto bufonoide, que presenta características morfológicas distintivas como un dorso grisáceo ligeramente granuloso con patrón de manchas irregulares, en el que predominan franjas longitudinales o con forma de “omega”; tubérculos carpales desarrollados, con metatarsales grandes y espatulados; pliegue intermaxilar marcado y abdominal en forma de “U”; estilo esternal osificado y hendido en dos mitades simétricas; y machos con saco vocal pigmentado. Esta especie presenta una distribución restringida, representando un endemismo ecorregional para Argentina y Paraguay. En Argentina se encuentra en las provincias de Santa Fe, Chaco, Corrientes, Formosa y Entre Ríos, mientras que Paraguay ha sido registrada solamente en el Departamento Ñeembucú. Es una especie abundante que habita en biotopos arenosos cercanos a cuerpos de agua temporarios donde se reproduce, se los encuentra en urbanizaciones, así como también en áreas agrícolas, y se conocen registros en ambientes de Delta e Islas del Paraná. Es caracterizada además por su plasticidad para adaptarse a fuertes modificaciones del hábitat. En cuanto a su genética, la información disponible es escasa y se limita a unas pocas secuencias que fueron utilizadas en estudios filogenéticos del género. Considerando la escasa información que dispone la especie, el objetivo de este trabajo es analizar la filogeografía de *P. santafecinus*, con la finalidad de conocer su diversidad y estructura genética, así como reconstruir su historia evolutiva a partir del estudio de genes mitocondriales (Citocromo Oxidasa I y 16s). Para ello se realizarán: extracciones de ADN, amplificaciones por PCR, purificaciones, y secuenciación Sanger, y posteriormente, edición y análisis de las secuencias obtenidas mediante programas de bioinformática.

**Palabras clave:** genes mitocondriales – COI y 16s, diversidad, bioinformática