

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