

# EVALUACIÓN DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES AUSTRALES DE CARPINCHO

González-Barboza, M<sup>1</sup>; Bou, N<sup>1</sup>; Byrne, S<sup>2</sup>; Túnez, J.I<sup>2</sup>; Duarte, J.M.B<sup>3</sup>; Cosse, M<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biodiversidad y Genética, División Genética y Biología Molecular, IIBCE-MEC, Montevideo, Uruguay. <sup>2</sup>Grupo de Investigación en Ecología Molecular (GIEM), Departamento de Ciencias Básicas e Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDESUNLu-CONICET), Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina.

<sup>3</sup>Núcleo, Departamento de Zootecnia, Universidad Estadual Paulista, Cōnservação de Pesquisa e de CervídeosJaboticabal, Brasil.

## Introducción

El carpincho (*Hydrochoerus hydrochaeris*), el roedor más grande del mundo, es una especie semi-acuática con amplia distribución en Sudamérica. A pesar de ser relativamente común, poco es sabido sobre su historia evolutiva.

Se ha propuesto la existencia de corredores debido a los ríos Paraná y Paraguay (Byrne et al. 2019). Sin embargo, en el análisis regional no se han incluido hasta el momento poblaciones de Uruguay, que presenta una hidrografía y afinidad biogeográfica particular.

Objetivo: caracterizar la variación genética, evaluar la estructura poblacional y demografía histórica de las poblaciones australes de carpincho, con énfasis en las poblaciones uruguayas

## Materiales y métodos

- Muestras no invasivas: 52 de Uruguay, 4 de Brasil
- PCR → 226 pb del D-loop
- Se agregan 164 secuencias (Campos-Krauer & Wisely, 2011; Byrne et al. 2019) → MEGA X
- Diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) y diversidad haplotípica (Hd) → DnaSP
- Evaluación de estructura genética según tres hipótesis:  
i) cuencas, ii) provincias biogeográficas, iii) panmixia → Arlequin  
clusterización → BAPS
- Red de haplotipos: método de unión por la mediana → PopArt
- Historia demográfica: "mismatch distribution" y test de neutralidad (D y Fs)

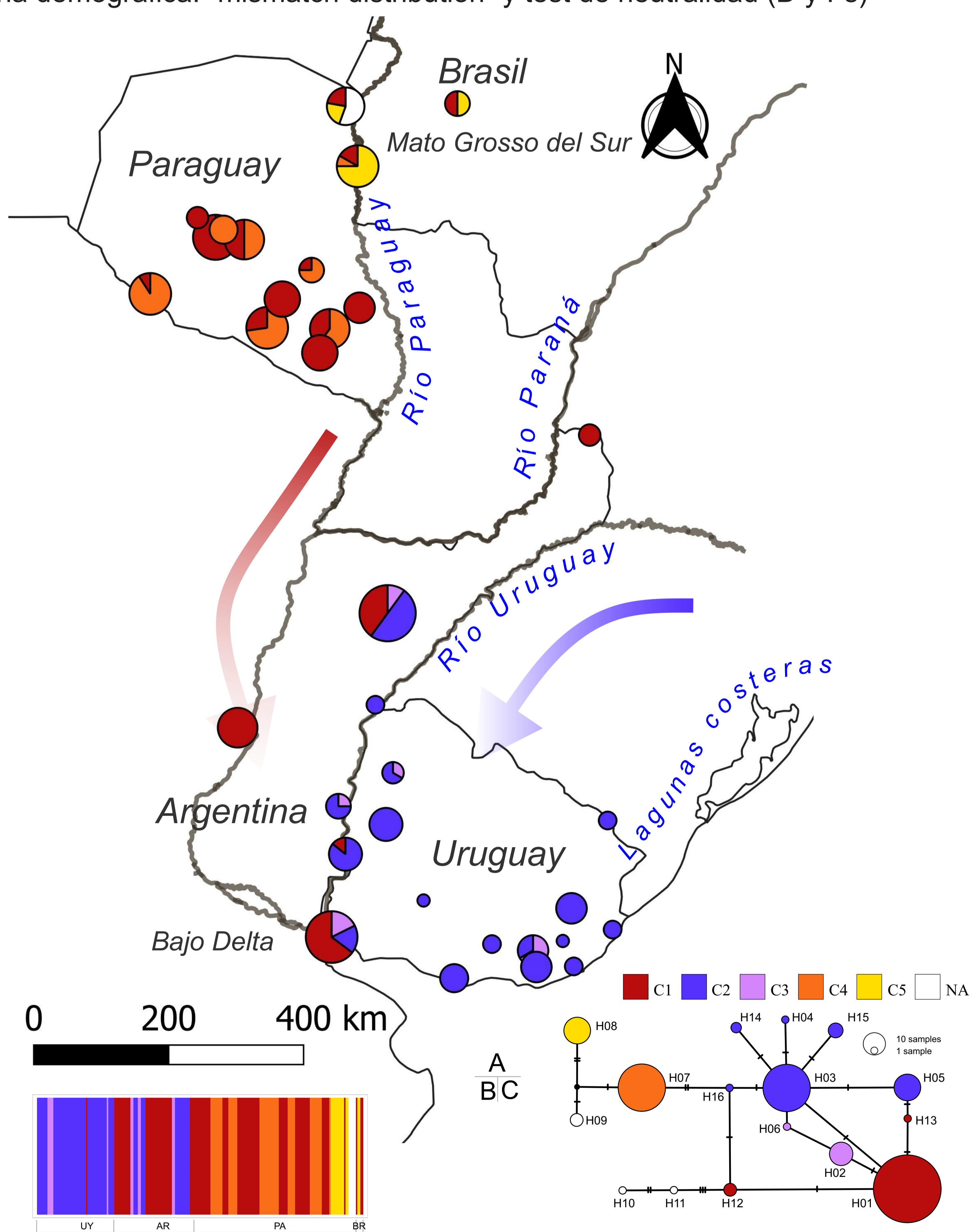
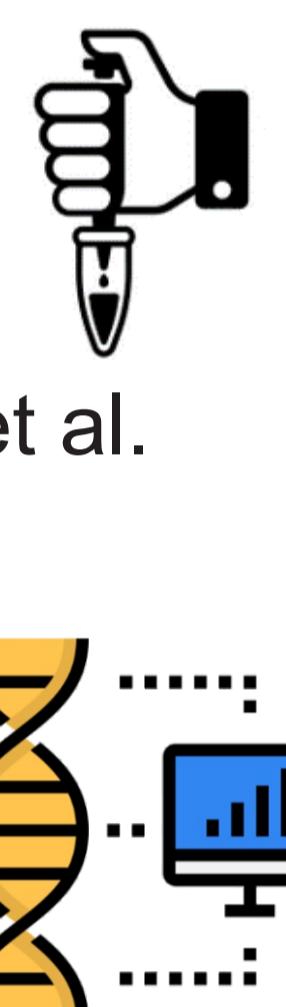


Figura 1. Análisis bayesiano de estructura poblacional. A) Distribución de los 5 clusters (C1 a C5; NA: Haplótipos que no pudieron asignarse a los clusters detectados) detectados en la región de estudio. B) Resumen de la distribución de los clusters de acuerdo a localidades de colecta (UY: Uruguay; AR: Argentina; PA: Paraguay; BR: Brasil). C) Red haplotípica.

## Perspectivas

Nuestros resultados alertan sobre la existencia de distintas Unidades de Manejo dentro de la Unidad del Río de la Plata (Byrne et al. 2022), lo cual tendría repercusiones para la conservación de la especie.

Proponemos incluir poblaciones del sur de Brasil y utilizar un fragmento del D-loop mayor así como otro marcadores para profundizar en los procesos filogeográficos de la especie.

## Resultados

220 secuencias → 16 haplotipos.

Niveles de diversidad genética moderada-baja (Tabla 1).

Diferenciación significativa entre las poblaciones ( $\phi_{ST} = 0,514$ ,  $p < 0,001$ ).

Las hipótesis basadas en cuencas hidrográficas ( $\phi_{CT} = 0,324$ ,  $p < 0,001$ ) y provincias biogeográficas ( $\phi_{CT} = 0,304$ ,  $p < 0,001$ ) no fueron concluyentes.

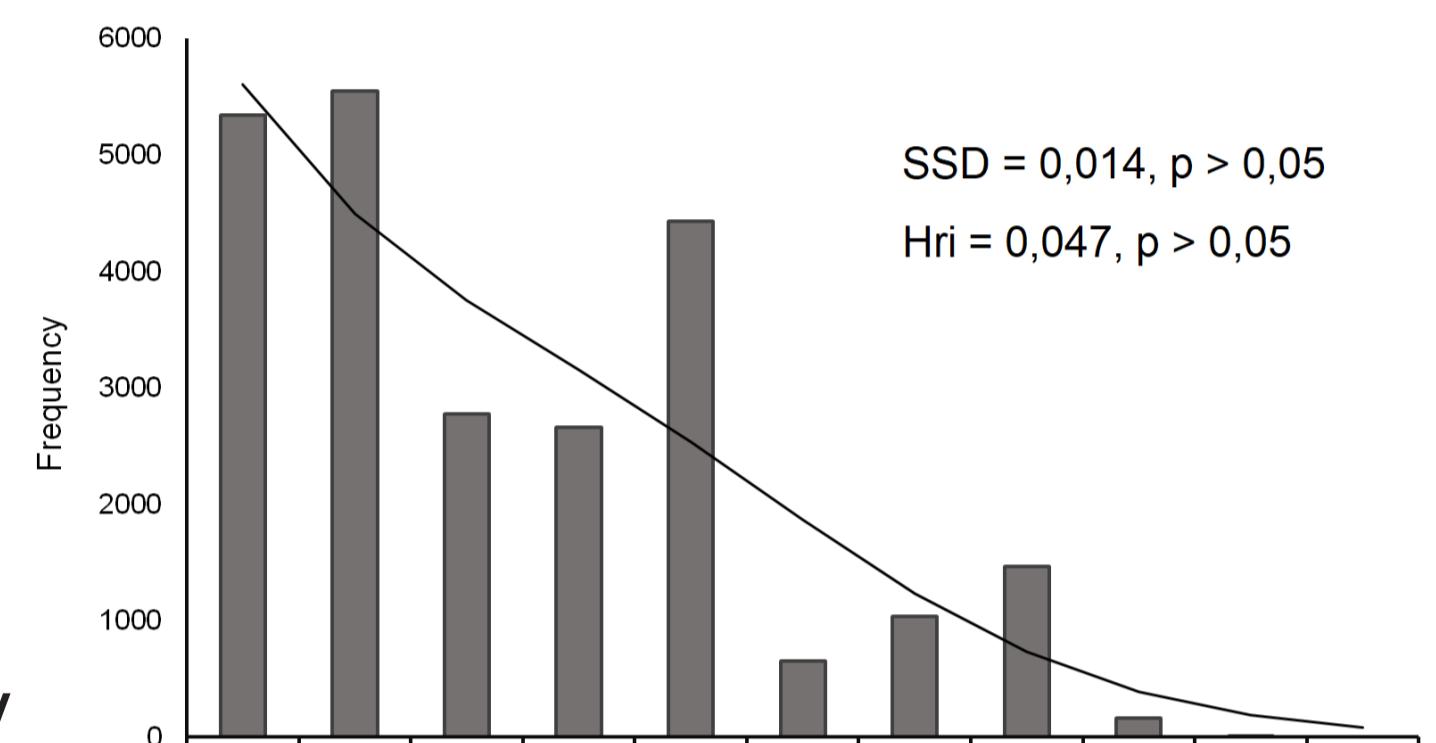


Figura 2. "Mismatch distribution" para la población total de carpinchos.

5 clusters genéticos (Figura 1).

El análisis "mismatch distribution" no descarta que pudo haber un proceso de expansión poblacional para la población total (Figura 2). Los test de neutralidad no fueron concluyentes.

Tabla 1. Medidas de diversidad genética de las poblaciones.

	N	Diversidad haplotípica	Diversidad nucleotídica (%)	Haplótipos más comunes	Haplótipos privados
Uruguay	52	0.66	0.44	H03 (54%)	3
Argentina	54	0.59	0.33	H01 (59%)	2
Paraguay	110	0.64	1.23	H01 (46%)	5
Brasil	4	0.67	1.77	H08, H12 (50% cada uno)	0

## Discusión

- Se completaron vacíos de información en el análisis filogeográfico del carpincho incorporando muestras de Uruguay y Brasil.
- Se halló diferenciación significativa entre poblaciones, aunque no pudo atribuirse exclusivamente a las hipótesis testeadas.
- Los haplotipos más divergentes pertenecientes a los clusters C4 y C5, fueron exclusivos de Paraguay y Brasil.
- La distribución de los clusters C1 respecto a C2 y C3 parece ser consistente con la distribución de los grandes ríos. C1 se encuentra desde Mato Grosso del Sur hasta el Bajo Delta mientras que C2 y C3 se encuentran principalmente en Uruguay y unas pocas localidades argentinas asociadas al río Uruguay (Figura 1).
- Se proponen 2 vías de colonización, una vinculada al sistema Paraná-Paraguay y otra asociada al río Uruguay y cuencas atlánticas (flechas roja y azul en la Figura 1).
- Este trabajo resalta la importancia de analizar los patrones de colonización de taxa intertropicales en latitudes inferiores.

## Bibliografía

- Campos-Krauer, J.M. and Wisely, S.M.(2011) Deforestation and cattle ranching drive rapid range expansion of capybara in the Gran Chaco ecosystem. *Global Change Biology* 17(1), 206-218.
- Byrne,S. et al. (2019) Population genetics of the capybara, *Hydrochoerus hydrochaeris*, in the Chaco-pampae region. *Mammalian Biology* 96,14-22.
- Byrne,M.S. et al. (2022) Phylogeography of the capybara, *Hydrochoerus hydrochaeris*, in a large portion of its distribution area in South America. *Journal of Mammalian Evolution* 29(1), 191-206.

## Agradecimientos

Al SNAP por el apoyo al proyecto y a los guardaparques que colaboraron con la colecta de muestras en áreas protegidas.

