

CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUTURACIÓN POBLACIONAL DEL BAGRE DE RIACHUELO *HEPTAPTERUS MUSTELINUS*

HUATATOCA, Pilar.

Estudiante del Curso de Ciencias Biológicas: Ecología y Biodiversidad - ILACVN – UNILA;
E-mail: pilar.vargas@aluno.unila.edu.br;

PEREIRA, Luiz Henrique Garcia

Docente/investigador – ILACVN – UNILA.
E-mail: luiz.pereira@unila.edu.br.

1 Introducción

Se realizó el estudio de la diversidad y estructuración genética del bagre de pequeño porte, *Heptapterus mustelinus* (Silruformes: Heptapteridae) en la cuenca del Paraná III (BP III), que incluye toda el drenaje de ríos e riachuelos que desaguan directo en el río Paraná. El conocimiento de la composición genética de una especie, y de como ella está estructurada en sus poblaciones, es fundamental para las acciones de manejo y de conservación, así como también es importante entender si la estructuración genética encontrada es una característica natural de la especie estudiada o es el resultado de la presencia de barreras físicas causadas por el hombre (como en el caso de fragmentación de hábitat). Dicho esto, nuestro objetivo es evaluar la genética poblacional del pez *Heptapterus mustelinus* en el BP III por medio de la utilización de secuencia del DNA mitocondrial, D-Lopp, para determinar los niveles de diversidad genética en los distintos puntos de colecta, y estimar el grado de diferenciación y flujo genético para inferir factores que determinan la estructuración y diversidad genética del pez.

2 Metodología

Para la presente investigación se utilizó especímenes del bagre *Heptapterus mustelinus*, que fueron obtenidas del levantamiento ictiológico de las especies de pequeño porte que habitan en arroyos pertenecientes a la región de la cuenca del Paraná III, en el proyecto denominado “Levantamiento de la Ictio-fauna de la cuenca hídrica del Paraná III” realizado entre el 2014 y 2015, pertenecientes a nuestro grupo de investigación. El banco de tejidos corresponde la ocurrencia de 633 especímenes colectados en 24 puntos a lo largo de la cuenca. Siendo utilizados tan 19 puntos con un total de 192 especímenes de *H. mustelinus*, donde estas fueron más representativas. Estos puntos fueron colectados de manera

patroneada, muestreando solo arroyos, hasta tercera orden, en 30 metros y en dirección contracorriente utilizando redes de mano y equipamiento de pesca eléctrica.

Para acceder al material genético de las poblaciones analizadas fueron obtenidos las secuencias parciales de la región D-Loop del genoma mitocondrial utilizando los *primers* descritos por MEYER *et al.* (1990). Para eso, el DNA total fue extraído con el uso de kits de extracción comercial Wizar genomic DNA purification - Promega®. Las secuencias D-Loop fueron obtenidas por medio de la reacción en cadena de polimerasa (PCR) siguiendo los protocolos ya patroneados. El producto de la PCR fue entonces purificado con la enzima ExoSap-IT® (USB Corporation) y analizados en un secuenciador de DNA automático, modelo ABI 3130-Genetic Analyzer (Applied Biosystems) disponible en la Institución colaboradora (UNESP-Botucatu). Las secuencias obtenidas fueron analizadas con el software Geneious 7 (Biomatters, Auckland, New Zealand) para la obtención de las secuencias consenso, y seguido, usando el algoritmo MUSCLE (EDGAR, 2004) disponible *on line* (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/>) fueron alineadas las secuencias. El programa DnaSP (Rozas y Rozas, 1995) fue utilizado para identificar y cuantificar la diversidad genética basado en el número de haplótipo y de la diversidad nucleotídica.

3 Fundamentación teórica

En la región Neotropical, una de las seis ecorregiones biogeográficas del planeta, se encuentran las principales cuencas hidrográficas más extensas y complejas del mundo (Estevez, 2011, p. 611). Y casi la mitad del número de especies de peces esta en apenas 0.01% de toda el agua del planeta, siendo que en la región Neotropical, se destacan la mitad de las especies de peces de agua dulce, en un estimado de 6000 (Abel, *et all*, 2008) y de ellos unas 3322 especies son encontradas en Brasil según el *fish base* (2016). Sin embargo el comprometimiento de los cuerpos hídricos continentales, escaso por naturaleza e imprescindibles para la sobrevivencia humana y manutención de almacenamiento de peces, es un problema mundial, en el Brasil los estudios que enfocan las principales amenazas a la ictiofauna de agua dulce muestran un considerable nivel de comprometimiento de los ambientes acuáticos, especialmente aquellos situados en las regiones más pobladas y/o aquellas con histórico más antiguo e intenso de ocupación humana (Estevez, 2011, p.623).

La mayoría de las poblaciones de especies “es agrupada en subpoblaciones menores, en las cuales generalmente ocurren cruzamientos. Ese agrupamiento es llamado de estructura poblacional o subdivisión poblacional” (Hartl, 2010, p.290), por otro lado, la estructura genética, que por supuesto está determinada por la estructura de la población, pero también

por procesos genéticos como la selección, la recombinación y la mutación (Garduño y Dominguez, 2013, p. 1035). “Cuando hay subdivisión poblacional, es casi inevitable que ocurra alguna diferenciación genética entre poblaciones, es decir que las frecuencias alélicas entre las subpoblaciones se tornan diferentes” (Hartl, 2010, p.290). Siendo que en dicha diferenciación, el flujo genético que es un componente principal de la estructura de las poblaciones porque determina hasta qué punto cada población local de una especie es una unidad evolutiva independiente, siendo que este flujo genético puede estar impedido por barreras de causa natural o por acción antrópica (Garduño y Dominguez, 2013, p. 1032).

Así los ambientes acuáticos son bastante vulnerables a las perturbaciones causadas por el hombre, producto de sus diferentes actividades como la agricultura. Siendo así, “la contaminación, barreras, y pérdida de hábitat a través de la canalización afectan directamente a la dinámica del ecosistema y características de la población, tales como la migración, el éxito reproductivo y la sobrevivencia de varios organismos”, es decir, su abundancia y la conectividad (Raeymaekers, 2008, p. 475). Sin embargo las actividades del uso de la tierra, los cambios en las áreas de ribera pueden tener fuertes impactos que pueden producir cambios en la temperatura del agua y la química, por ejemplo, afectando de modo general la estructuración de la paisaje (Townsend, 2010, p.158). En ambientes acuáticos el impedimento de contacto de ciertas poblaciones de peces (conectividad) por barreras ya sean naturales o artificiales es medido por los cambios en las frecuencias alélicas (Blanchet, 2010, p. 291).

Así, considerando lo expuesto anteriormente el hecho de que los ambientes de arroyo se muestran bastante heterogéneos y vulnerables a los impactos humanos este trabajo objetiva analizar la diversidad y estructuración genética de las poblaciones del pez *Heptapterus mustelinus* en arroyos de la cuenca del Río Paraná III, que esta vulnerable a los impactos ambientales por actividades antrópicas, principalmente para fines de producción de energía eléctrica y agrícolas.

4 Resultados

De las 192 muestras de tejido de los especímenes de *H. mustelinus* que se extrajo el DNA total, apenas 180 dieron cierto. Después de los proceso de secuenciamiento y análisis de las secuencias obtenidas, apenas 146 secuencias presentaron alta cualidad y fueron utilizadas en los análisis de índices de diversidad genética. Estas 146 secuencias representan 39 haplotipos, siendo que el haplotipo 26 es el más frecuente, encontrándose en 102 especímenes (70% de las muestras); el segundo más frecuente es el haplotipo 37 que se encuentra en 4 especímenes, y seguido por el haplotipo 12 y 27 que se distribuyen en dos especímenes

respectivamente, el resto de los haplotipos están distribuidos en apenas 1 espécimen. La diversidad haplotípica (h) encontrada es de 0,5125 y la diversidad nucleotídica (Pi) (por sitio) de 0,00790.

5 Conclusiones

Los resultados preliminares encontrados en nuestro trabajo revelaron un alto número de haplotipos (39), lo que refleja una alta diversidad genética. Por ejemplo, en un trabajo realizado con más del doble de muestras (317 secuencias) de DNA mitocondrial de la región de D-loop del bagre *Hypostomus ancistroides* del Río Parapanema, encontraron apenas un número de 37 haplotipos (Da Silva, 2015, p. 1). Estos datos representan el primer estudio de este tipo con esta especie, lo que será de gran valor para comprender mejor la genética de poblaciones de peces de riachuelos. Sin embargo, nuevos análisis serán realizados para entender mejor la diversidad y estructuración genética del bagre *H. mustelinus*.

6 Principales referencias bibliográficas

ESTEVEZ, F. **Fundamentos de limnología**. Río de Janeiro: Interciência. 2011.

GARDUÑO, T y DOMINGUEZ, E. Métodos de análisis genéticos, espaciales y de conectividad en genética del paisaje. **Revista mexicana de Biodiversidad**, volume. 84(3), 1031-1054. 2013.

HARTL, D y CLARK, A. **Principios de genética de populações**. Porto Alegre: Artmed. 2010.

DA SILVA, A. et al. Filogeografía de *Hypostomus Ancistroides* (Siluriformes, Loricariidae) Na Bacia do Rio Paranaoanema a partir de Haplótipos Mitocondriais (D-Loop). Universidad Estadual del Norte de Paraná. 2015.