

EVIDENCIAS DE ESTRUCTURA GENÉTICA EN *Pseudoplatystoma corruscans* (SURUBÍ): IMPLICANCIAS EN LA CONSERVACIÓN

Castro Verónica^A

^ALaboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias-UNL
^BConsejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas

Área: Ciencias Biológicas
Sub-Área: Biología
Grupo: X

Palabras clave: *Pseudoplatystoma corruscans*, microsatélites, diversidad genética

INTRODUCCIÓN

Pseudoplatystoma corruscans, conocido como “surubí pintado” (Pimelodidae: Siluriformes), es un pez migrador, predador, nativo de los ríos de América del Sur, principalmente de los ríos São Francisco y Paraná. Es muy apreciado en la pesca deportiva y comercial, por su gran tamaño, dificultad de captura y valor gastronómico.

El surubí tiene un rol ecológico importante como predador en los ecosistemas donde vive. Esta especie exhibe movimientos migratorios extensivos durante su ciclo de vida. Existen evidencias de que la interrupción de tales movimientos afecta severamente a esta especie al impedir el acceso al área de desove (Revaldaves et al. 2005). Como consecuencia de ello, se observa una reducción del tamaño y una estructuración de las poblaciones, reduciendo la variabilidad genética y con ello el potencial de responder a cambios ambientales (Abreu et al. 2009)

El estudio de la diversidad genética de las poblaciones naturales tiene fundamental importancia para la conservación de las especies, ya que al poder identificar similitudes y diferencias entre los individuos y las poblaciones que los mismos constituyen, es posible establecer tanto el estado actual como el potencial evolutivo que las poblaciones presentan. Para poder llevar a cabo estos estudios, se utilizan diferentes marcadores genéticos, como por ejemplo los microsatélites (Avisé 2010, Saulo-Machado et al. 2011)

La pérdida de diversidad genética y por lo tanto del potencial evolutivo suele considerarse como el factor más relevante en la disminución del tamaño poblacional. Asimismo, los estudios genéticos-poblacionales, son importantes para una futura aplicación en el área productiva, para el monitoreo de las poblaciones y para la identificación de posibles escapes de especies de cultivo, que suelen competir con las poblaciones naturales. Dentro del género *Pseudoplatystoma* sp., podemos traer a consideración dos trabajos genéticos realizados en el alto Paraná y alto Paraguay. Pereira y colaboradores, estudiaron la estructura genético-poblacional de *P. corruscans* en la cuenca del Alto Paraná y Paraguay, sugieren, a partir de los resultados obtenidos que dicha especie presenta una estructura poblacional debido a su fidelidad a sitios de reproducción llamado, comportamiento de “homing” (Pereira et al. 2009). También Matos de Abreu y colaboradores, reportaron la existencia de estructura poblacional en *P. reticulatum* en el alto Paraguay (Abreu et al. 2009).

Proyecto: **Estudio de la dinámica poblacional de *Prochilodus lineatus* (sábalo) desde una perspectiva temporal y genética: contribuciones al manejo sustentable de los recursos pesqueros.**

Director del proyecto: **Eva Carolina Rueda**

Co-director del proyecto: **Guillermo Ojeda**

Director del becario/tesista: **Verónica Castro**

softwares de genética de poblaciones como GENEPOP ([Raymond and Rousset 1995](#)) y ARLEQUIN ([Excoffier and LISCHER 2010](#)). Los estudios de estructura poblacional se realizaron utilizando el programa informático bayesiano *Structure* ([Pritchard et al. 2000](#), [Falush et al. 2007](#)).

RESULTADOS

Se extrajo ADN genómico de un total de 119 ejemplares. Todas las muestras se amplificaron utilizando 8 loci microsatélites (PPU2, PPU6, PPU9, PPU11, PPU12, PCOR5, PCOR7, PCOR28) mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Finalmente se elaboraron las tablas con los genotipos de cada ejemplar y se realizaron los análisis genético-poblacionales.

La **Tabla 1** muestra los valores de diversidad genética (medidos en Heterocigocidad esperada y número de alelos) para los dos sitios de estudio (Chaco y Matto Grosso) y para los muestreos estacionales realizados en Argentina.

Los resultados muestran valores elevados de diversidad genética indicando un buen estado del recurso (Tabla 1). Los valores de heterocigocidad fueron 0.78742 (0.71056 -0.83611) con un número elevado de alelos para cada locus analizado.

La estructura genética (número de *clusters* o “*stocks*”) se determinó usando STRUCTURE. Los datos mostraron agruparse con mayor probabilidad en 4 (K=4) clusters, mostrando, por un lado una diferencia entre los ejemplares de Brasil y Argentina, y por otro, una estructura temporal en las muestras de Chaco. Esto sugiere que el stock pesquero que estuvo en enero, es diferente al de Agosto/Diciembre. La Figura 2, muestra cada sitio/momento de estudio, y la composición genética de cada individuo (**Figura 2: Análisis de la estructura genética de *P. corruscans***).

	Chaco (En-2011)	Chaco (Ago-2012)	Chaco (Dic-2012)	Matto Grosso (Oct-2011/ Mar-2012)
Número de individuos	30	40	21	28
H_E(Heterocigocidad esperada) (± S.D.)	0.83611 (±0.08525)	0.81732 (±0.11630)	0.78571 (±0.11901)	0.71056 (±0.23366)
Número de alelos (rango)	15(9-20)	17 (11-27)	11 (5-21)	12(5-23)

Tabla 1. Análisis de la diversidad genética, en los distintos sitios y tiempos estudiados.

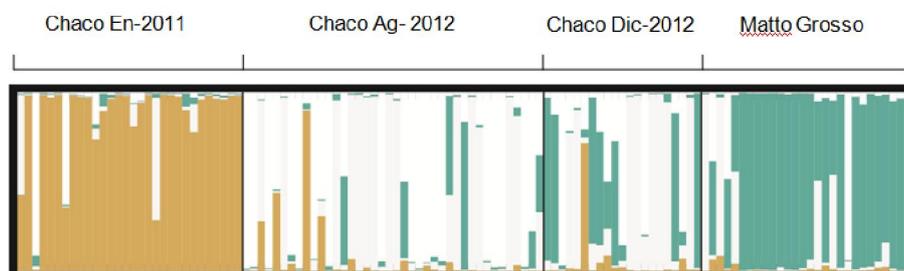


Figura 2. Análisis de la estructura genética (Structure 2.3.1.). El valor más probable es K=4, lo que sugiere que existen al menos 4 stocks genéticos.

CONCLUSIONES

De acuerdo a los resultados obtenidos podemos concluir que las poblaciones actuales de surubí pintado constituyen diferentes grupos genéticos. La diferencia entre los *stocks*, de Brasil y Argentina, podría deberse a que el circuito migratorio está interrumpido por represas (Itaipú), por lo que no pueden mezclarse los ejemplares del Alto Paraná con los del Paraná inferior. Por otro lado, los resultados del análisis de las muestras de Chaco, muestran un cambio de estructura genética temporal, probablemente asociada al comportamiento reproductivo-migrador de la especie. Los datos obtenidos son relevantes para la conservación de esta especie emblema del norte de la provincia de Santa Fe.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

- Abreu, M. M. d., L. H. G. Pereira, V. B. Vila, F. Foresti, and C. Oliveira.** 2009. Genetic variability of two populations of *Pseudoplatystoma reticulatum* from the Upper Paraguay River Basin. *Genet Mol Biol* 32:868-873.
- Awise, J. C.** 2010. Perspective: conservation genetics enters the genomics era. *Conservation genetics* 11:665-669.
- Excoffier, L.** and H. E. LISCHER. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour* 10:564-567.
- Falush, D., M. Stephens, and J. K. Pritchard.** 2007. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes* 7:574-578.
- Pereira, L., F. Foresti, and C. Oliveira.** 2009. Genetic structure of the migratory catfish *Pseudoplatystoma corruscans* (Siluriformes: Pimelodidae) suggests homing behaviour. *Ecology of Freshwater Fish* 18:215-225.
- Pritchard, J. K., M. Stephens, and P. Donnelly.** 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959.
- Raymond, M. and F. Rousset.** 1995. An exact test for population differentiation. *Evolution* 49:1280-1283.
- Revaldaves, E., L. H. Pereira, F. Foresti, and C. Oliveira.** 2005. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Pseudoplatystoma corruscans* (Siluriformes: Pimelodidae) and cross-species amplification. *Molecular Ecology Notes* 5:463-465.
- Rueda, E., P. Amavet, F. Brancolini, J. Sommer, and G. Ortí.** 2011. Isolation and characterization of eight polymorphic microsatellite markers for the migratory characiform fish, *Salminus brasiliensis*. *Journal of fish biology* 79:1370-1375.
- Rueda, E. C., P. Carriquiriborde, A. M. Monzón, G. M. Somoza, and G. Ortí.** 2013. Seasonal variation in genetic population structure of sábalo (*Prochilodus lineatus*) in the Lower Uruguay River. *Genetica* 141:401-407.
- Rueda, E. C., J. Sommer, P. Scarabotti, R. Markariani, and G. Ortí.** 2011b. Isolation and characterization of polymorphic microsatellite loci in the migratory freshwater fish *Prochilodus lineatus* (Characiformes: Prochilodontidae). *Conservation Genetics Resources* 3:681-684.
- Saulo-Machado, A., K. Formiga, M. Ortiz, A. Sousa, J. Alves-Gomes, and J. Batista.** 2011. Polymorphic microsatellite DNA markers for the Amazonian catfish *Pseudoplatystoma punctifer* (Siluriformes: Pimelodidae). *Conservation Genetics Resources* 3:307-310.
- Slatkin, M.** 1995. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics* 139:457-462.