



XXV Comunicaciones Científicas y Tecnológicas

Orden Poster: CE-047 (ID: 1732)

Autor: Romero Marano, Emanuel Armando

Título: Caracterización genética del género Megaleporinus (Ramírez, Birindelli & Galetti, 2016) (Ostariophysi: Characiformes: Anostomidae) en un tramo del alto Paraná, aguas abajo de Yacyretá

Director:

Palabras clave: Boga, Megaleporinus, Río Paraná, Yacyretá

Área de Beca: Cs. Naturales Y Exactas

Tipo Beca: Cyt - Pregrado

Periodo: 01/05/2018 al 01/05/2019

Lugar de trabajo: Facultad De Cs. Veterinarias

Proyecto: (CONVENIO ACTA 25) Evaluación de los recursos pesqueros aguas abajo de la represa de Yacyretá

Resumen:

En el río Paraná, *Megaleporinus obtusidens* es un componente importante tanto en la pesca comercial como recreacional, con gran aceptación para el consumo humano, considerada hasta hoy como la única especie de "Boga" en Argentina. Es por ello que el trabajo fue realizado con el objetivo de determinar la ocurrencia de diferentes especies del género *Megaleporinus*, identificándolas genéticamente y evaluar si las especies putativas existentes se diferencian en su estructura genética y parámetros poblacionales básicos. Para ello, se extrajo ADN con el fin de amplificar y secuenciar el gen la subunidad I del Citocromo Oxidasa (COI), como así también para analizar con los marcadores microsatélites (técnica para la cual no se obtuvieron resultados) a partir de ejemplares provenientes de Ituzaingó, Puerto Abra, Puerto Gonzáles e Itá Ibaté, capturados durante las sucesivas campañas mensuales realizadas por INICNE en los años 2008 a 2017. Además, se determinaron datos morfométricos tales como peso y longitud, y se estimaron las edades mediante análisis de otolitos. Se estimó también el factor de condición relativo, se realizaron curvas de crecimiento y proporción de sexos, entre otros caracteres. Mientras que la amplificación de microsatélites no resultó, sí se logró amplificar fragmentos del gen COI, los que fueron secuenciados. Los cromatogramas correspondientes fueron analizados mediante el programa CHROMAS, y las secuencias se alinearon mediante el programa MEGA v6 en conjunto a secuencias correspondientes a especies del género *Megaleporinus*. Se generó un árbol de distancias genéticas mediante el método estadístico UPGMA, identificándose 21 ejemplares como *M. piavussu* y 1 ejemplar como *M. obtusidens*. Para complementar la identificación se procedió a comparar las secuencias utilizadas en este estudio con secuencias de GenBank mediante la herramienta BLAST. En tal comparación se pudo observar que aparecen como *L. obtusidens* o *L. elongatus*, lo que resulta comprensible si se considera la novedad del género *Megaleporinus* y la especie *M. piavussu*. Esta amplia dominancia de *M. piavussu* en la zona de estudios indica la necesidad de modificar muchos trabajos referidos a la ictiofauna de la región, ya que en ellos la especie nombrada casi con exclusividad es *M. obtusidens*. Este estudio pretende contribuir a un mejor entendimiento de la diversidad del género *Megaleporinus*, por lo que la confirmación de la coexistencia de al menos dos especies simpátricas de *Megaleporinus* en la zona del río Paraná donde se realizaron las capturas, podría ser de gran ayuda para su manejo sustentable y conservación.