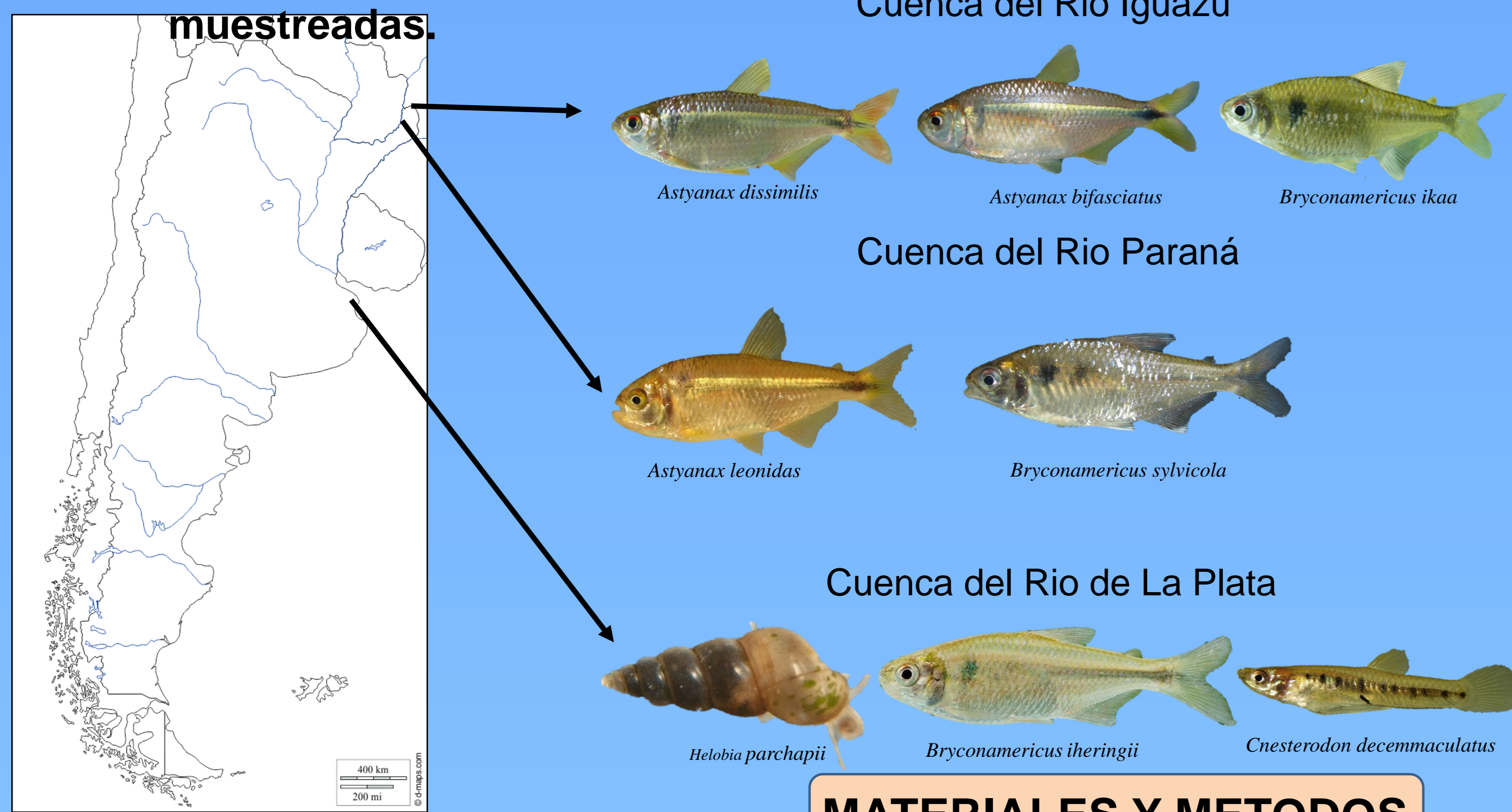


## LINAJES DE HAPLOPORIDAE EN PECES DE LA CUENCA PARANO PLATENSE ANALIZADOS A PARTIR DE LOS GENES COI Y 28S

Figura 1.- Localidades y Especies hospedadoras



### COI Y 28S

Montes, Martín M.<sup>1</sup>; Croci, Yasmín<sup>1</sup>; Di Césare, Luca<sup>2</sup>; Reshaid, Yamila<sup>1</sup>; Barneche, Jorge<sup>1</sup>; Iglesias, Bárbara<sup>3</sup>; Legunda, Nicolás<sup>3</sup>; Ferrari, Walter<sup>1</sup>; Achiorno, Cecilia<sup>1</sup>; Ciotek Liliana<sup>4</sup>; Casciotta, Jorge<sup>5</sup>; Martorelli, Sergio<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Estudios Parasitológicos y Vectores (CEPAVE), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad Nacional de La Plata (CONICET-UNLP), Calle 120 s/n/60 y 64, La Plata, Argentina.

<sup>2</sup>Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada (LHYDEC), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Av. 60 y 118 s/n. La Plata, Buenos Aires, Argentina. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Naturales y Museo (FCNyM), Universidad Nacional de La Plata (UNLP), Calle 120 s/n/60 y 64, La Plata, Argentina.

<sup>4</sup>Administración de Parques Nacionales (APN), Parque Nacional Campos del Tuyú, Gral. Lavalle, Buenos Aires, Argentina.

<sup>5</sup>Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, División Zoología Vertebrados, Paseo del Bosque (1900), La Plata, Buenos Aires, Argentina. <sup>6</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires, Argentina. E-mail: martinmiguelmontes@gmail.com

### INTRODUCCION

Durante un estudio parasitológico en peces y moluscos en ambientes dulceacuícolas se analizaron hospedadores provenientes de la Cuenca Parano Platense (Fig. 1) y se encontraron digeneos pertenecientes a la familia Haploporidae. Esta familia posee numerosas citas en hospedadores de Argentina, pero es poco lo conocido desde el punto de vista molecular.

### MATERIALES Y METODOS

Los digeneos hallados fueron separados por especie y hospedador, se realizó la extracción de ADN y se secuenciaron los genes COI y 28S. Se utilizó el programa MrBayes para la confección de los árboles filogenéticos y el programa MEGA para calcular la distancia génica.

### RESULTADOS

Las secuencias pertenecen a parásitos de *Bryconamericus ikaa* (1 COI y 1 28S), *Astyanax dissimilis* (1 COI y 1 28S) y *Astyanax bifasciatus* (1 COI y 1 28S) de la Cuenca del Río Iguazú arriba a las cataratas; *Bryconamericus sylvicola* (3 COI y 1 28S) y *Astyanax leonidas* (5 COI y 1 28S) de la Cuenca del Paraná; *Bryconamericus iheringii* (2 COI y 1 28S), *Cnesterodon decemmaculatus* (2 28S) del Río de La Plata. Además se obtuvo una secuencia COI de cercarias emergidas del caracol *Heleobia parchappii* y de metacercarias Haploporidae enquistada en la columna de agua del mismo caracol provenientes del Arroyo Martín de la ciudad de La Plata.

En el árbol filogenético bayesiano del gen 28S (Fig 2) se observa que todos los linajes pertenecen a la familia Haploporidae. La distancia génica calculada entre las especies de digeneos de *B. sylvicola* (sp 1), *B. iheringii* (sp 2), *B. ikaa* (sp 3), *A. bifasciatus* (sp 3) y *C. decemmaculatus* (sp 4) con respecto a *Saccocelioides elongatus* y *Saccocelioides magnus* varía entre 0 y 4%. Sin embargo, el digeneo de *A. leonidas* (gen. Indet. 1) presenta una distancia génica del 19%.

En el árbol filogenético COI (Fig 3 y Tabla 1) se observa que los ejemplares de *B. sylvicola* están relacionados con los de *B. iheringii* aunque los dos serían especies diferentes. Los *Saccocoelioides* sp. del Río Iguazú (cuyos huéspedes son *B. ikaa*, *A. dissimilis* y *A. bifasciatus*) pertenecen a un mismo linaje y grupo hermano del nodo anterior. El grupo formado por la cercaria y metacercaria del caracol es un linaje diferente a los anteriores. Finalmente se observó que los dos linajes de parásitos de *A. leonidas* podrían no pertenecer al género *Saccocoelioides*.

### DISCUSION

Los digeneos encontrados en *H. parchappii*; *B. iheringii*; *B. sylvicola*; *C. decemmaculatus*; y en *B. ikaa*, *A. bifasciatus* y *A. dissimilis* corresponderían al género *Saccocoelioides* sp. y 5 especies diferentes, mientras que las encontradas en *A. leonidas* serían otro género.

La filiación específica de cada linaje se resolverá cuando se analice en profundidad la morfología de cada parásito. Resulta llamativo que en la cuenca del Río Iguazú arriba de los saltos se encuentre una sola especie de *Saccocoelioides* sp. en diferentes hospedadores, y que las especies de *Bryconamericus* sp. están más relacionadas entre sí.

Tabla 1. Distancias génicas (p-value) de las secuencias del gen COI

	OG	1	2	3	4	5	6	7	8	9
OG										
1.- (Sp. 3) B. ikaa	0,32									
2.- (Sp. 3) A. dissimilis	0,32	0,00								
3.- (Sp. 3) A. bifasciatus	0,32	0,00	0,00							
4.- (Sp. 2) B. iheringii	0,31	0,19	0,19	0,19						
5.- (Sp. 1) B. sylvicola	0,31	0,19	0,19	0,19	0,04					
6.- (Sp. 5) met_helob	0,31	0,22	0,22	0,22	0,20	0,22				
7.- (Sp. 5) cerc_helob	0,31	0,22	0,22	0,22	0,20	0,22	0,00			
8.- G.ind2	0,28	0,24	0,24	0,24	0,25	0,25	0,26	0,26		
9.- G.Ind1	0,30	0,32	0,32	0,32	0,30	0,31	0,30	0,30	0,28	

Figura 2.- Árbol filogenético Bayesiano del gen 28S.

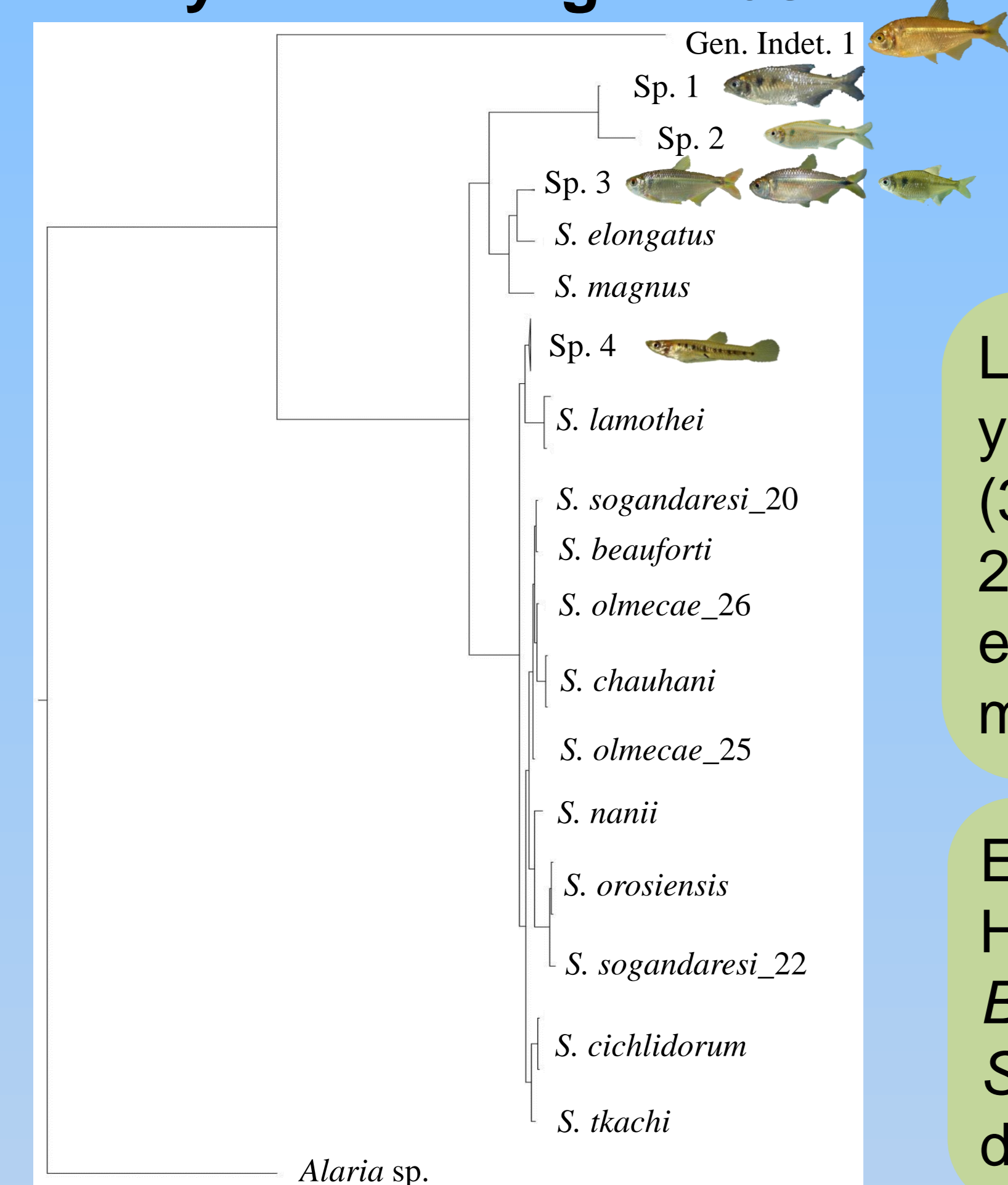
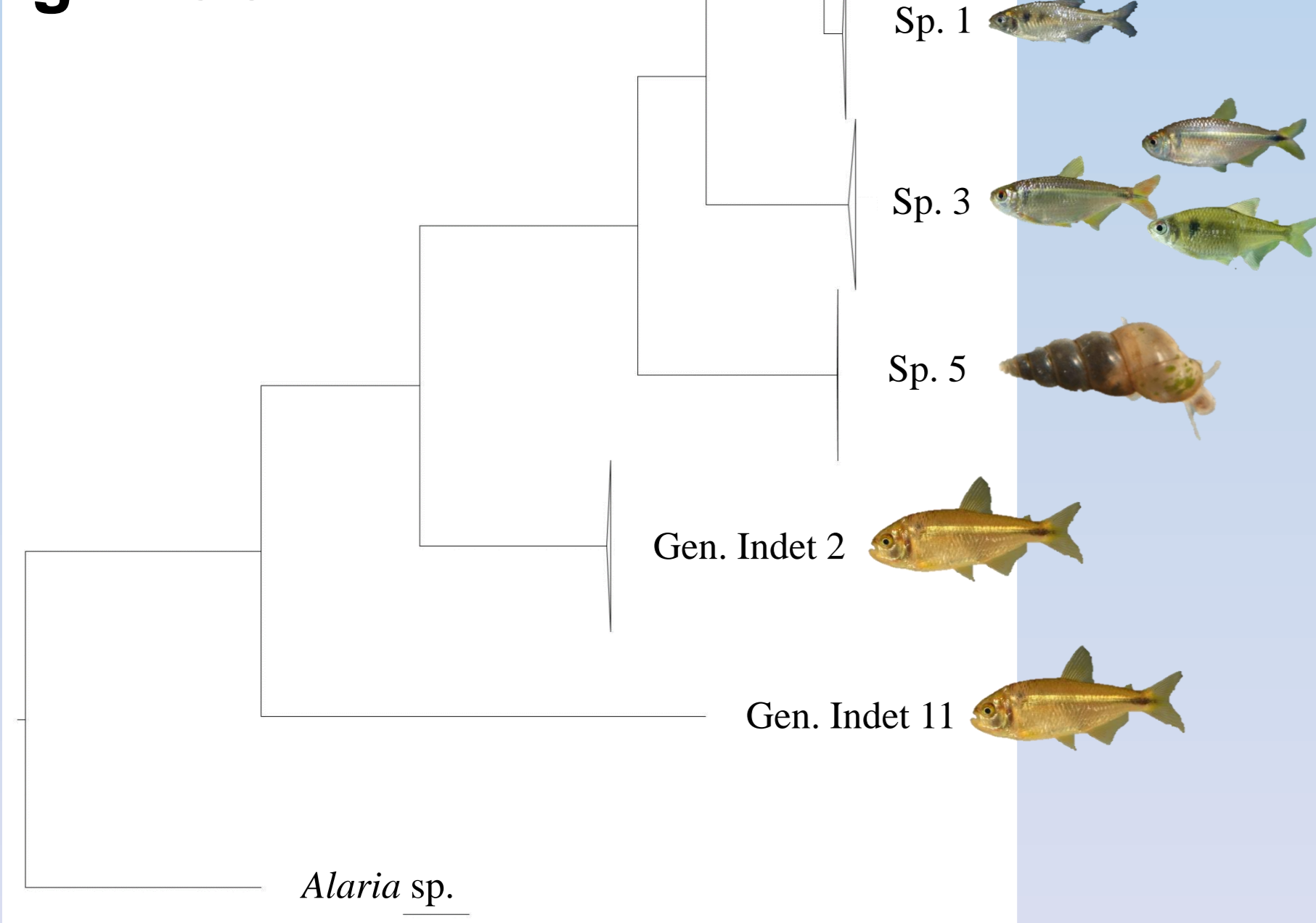


Figura 3.- Árbol filogenético Bayesiano del gen COI.



Leyenda Figuras 1.- Mapa de Argentina y especies muestreadas en cada cuenca. 2.- Árbol filogenético construido con el gen 28S. 3.- Árbol filogenético construido con secuencias del gen COI (valores en los nodos probabilidad). Leyenda de las tablas. 1.- Distancias génicas (p-value) de las secuencias del gen 28S. 2.- Distancias génicas (p-value) de las secuencias del gen COI.

Abreviaciones. Sp1, 2, 3, 4, 5 y 6 = especies 1, 2, 3, 4, 5 y 6; gen indet1, 2 = genero indeterminado 1 y 2., el = *Saccocoelioides elongatus*; Ma = *Saccocoelioides magnus*; so20 = *Saccocoelioides sogandaresi*; ol25 = *Saccocoelioides olmecae*; ol26 = *Saccocoelioides olmecae*; ch = *Saccocoelioides chauhani*; ci = *Saccocoelioides cichlidorum*; tk = *Saccocoelioides tkachii*; na = *Saccocoelioides nani*; be04 = *Saccocoelioides beaufortii*; so22 = *Saccocoelioides sogandaresi*.