

# VIII CONGRESO ARGENTINO DE PARASITOLOGÍA

infinitas dimensiones

## ANÁLISIS MOLECULAR DE DIGENEOS DE LA FAMILIA HAPLOSPLANCHNIDAE PARASITOS DE PECES: *MUGIL LIZA* DE ARGENTINA Y DE *MUGIL CEPHALUS* DE CHILE

Reshaid, Yamila V<sup>1</sup>; Montes, Martin M<sup>2</sup>; Barneche Jorge<sup>2</sup>; Castro Romero, Raul<sup>3</sup>; Croci, Yasmín<sup>2</sup>; Legunda, Nicolas<sup>3</sup>; Ferrari, Walter<sup>2</sup>; Giorgis, Pablo<sup>4</sup>; Marcotegui, Paula<sup>2</sup>; Martorelli, Sergio<sup>2</sup>.

1-Facultad de Ciencias Naturales y Museo (FCNyM), Universidad Nacional de La Plata (UNLP), Calle 120 s/n e/ 60 y 64, La Plata, Argentina; 2-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 e/ 60 y 64, La Plata, Argentina; 3-Universidad de Antofagasta, Facultad de Ciencias del Mar y recursos naturales, Departamento de Ciencias Acuáticas y Ambientales, Casilla 170, Antofagasta, Chile; 4-Administración de Parques Nacionales (APN), Parque Nacional Campos del Tuyú, Gral. Lavalle, Buenos Aires, Argentina. E-mail: yamilareshaid@gmail.com



Fig. 1: sitios de colecta, peces muestreados y parásitos encontrados

### Introducción

Durante el análisis parasitario de *Mugil liza* provenientes de la Bahía de Samborombón (Argentina) y de *Mugil cephalus* de Antofagasta (Chile) se encontraron digeneos pertenecientes a la familia Haplospilichnidae (Fig. 1).



Especie de Argentina, *Mugil liza*



Especie de Chile, *Mugil cephalus*



### Materiales y métodos

Algunos individuos fueron fijados en formol para su posterior descripción morfológica. Otros fueron conservados en etanol 96%, de estos se extrajo ADN y se secuenciaron los genes COI y 28S. Las secuencias obtenidas se editaron con Geneious y se buscaron las secuencias similares en el Genbank mediante BLAST-n. Se construyó una matriz por gen, alineando cada una en la plataforma MAFFT. Con GBLOCKS detectaron y eliminaron las regiones hipervariables alineadas en forma ambigua del gen 28S. También se calculó la distancia génica (p-value) con MEGA X, posteriormente, con Mr.Bayes, se obtuvieron los árboles filogenéticos para ambos genes.

Fig. 2: Árbol filogenético obtenido 28S

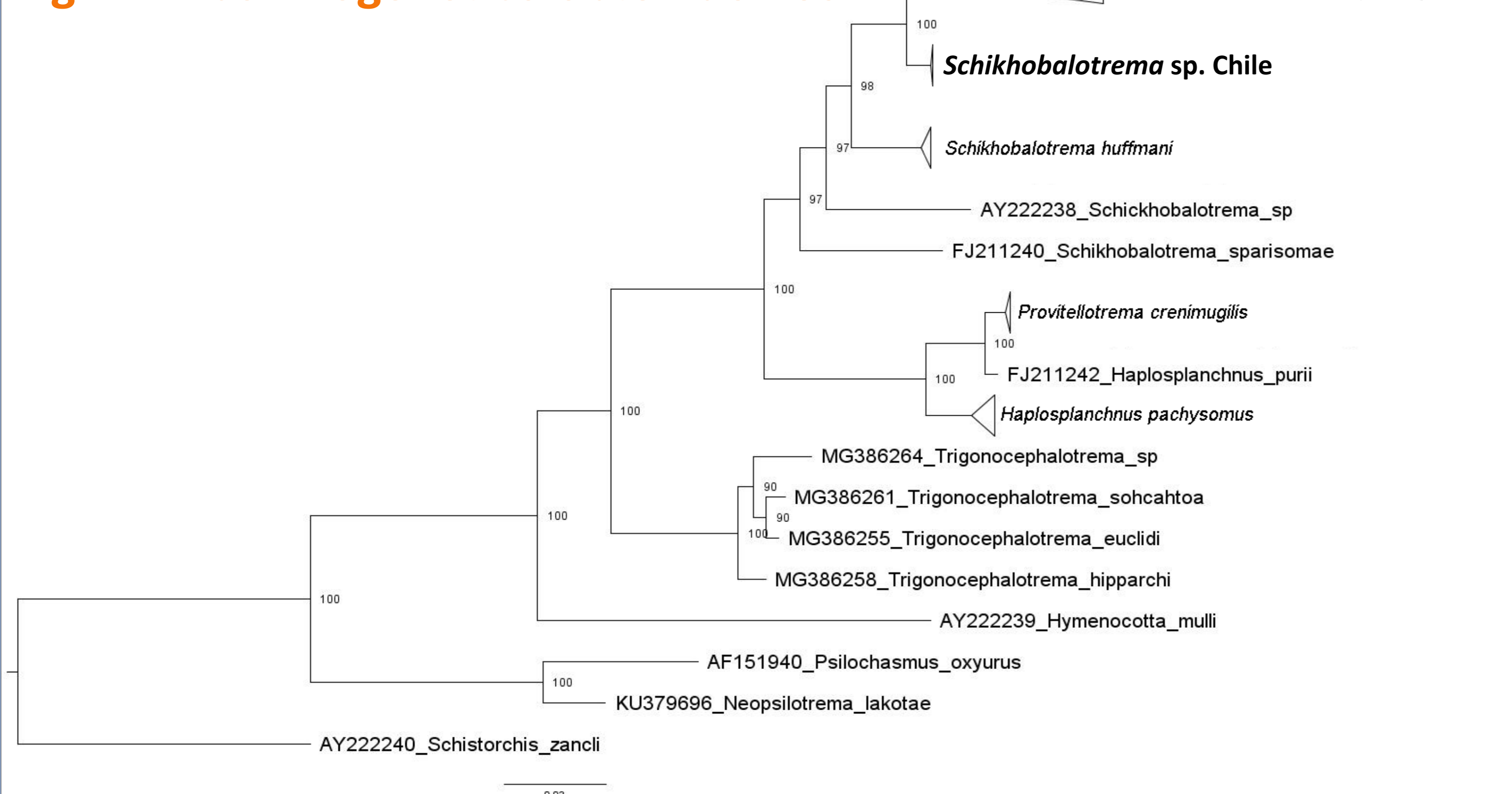
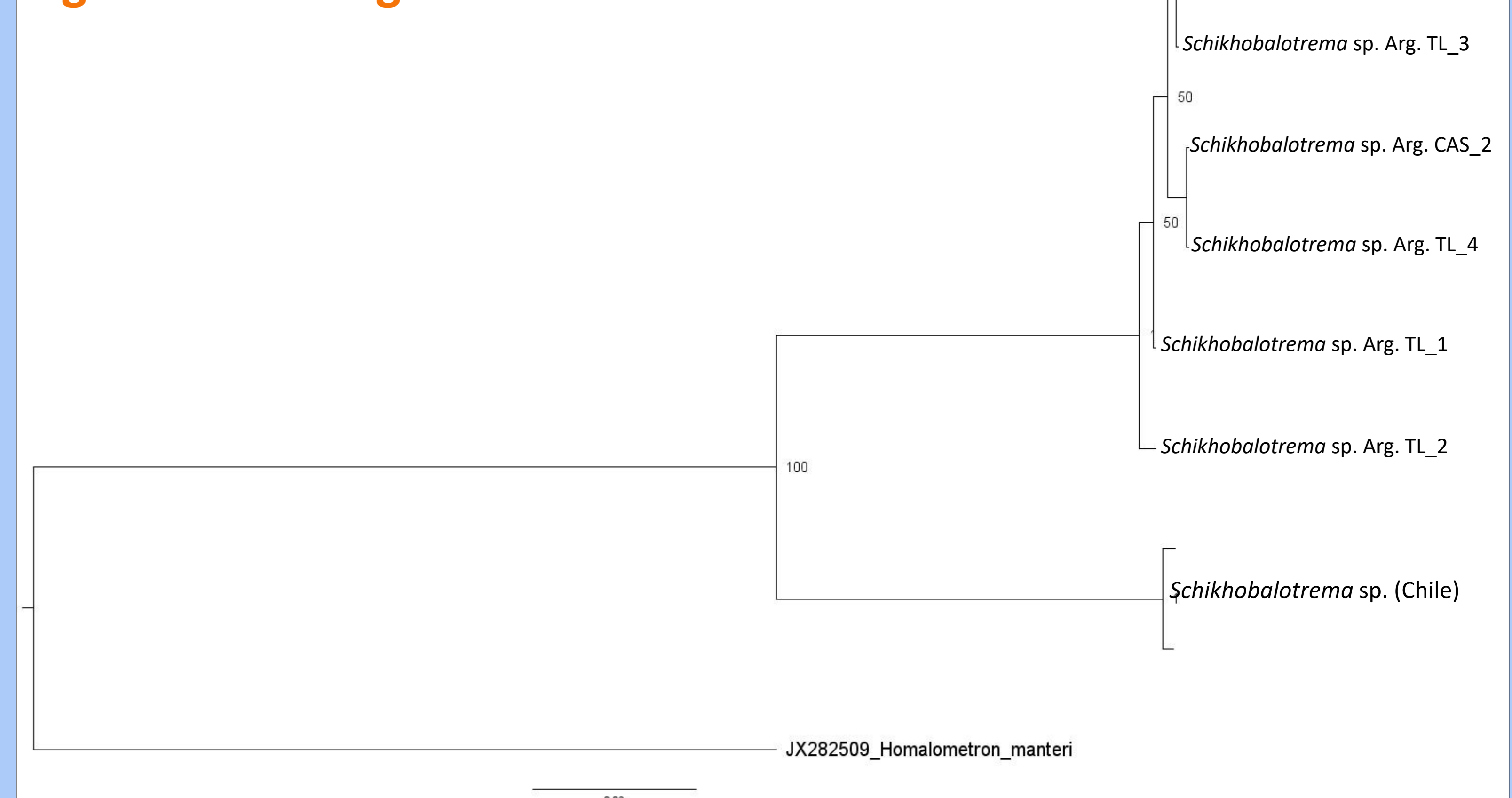


Fig. 3: Árbol filogenético obtenido COI



### Resultados y conclusión

En el árbol filogenético obtenido con el gen 28S (Fig. 2), se observa que los especímenes de ambos países pertenecen al género *Schikhobalotrema*. La distancia génica del gen 28S entre las especies de este género varía entre 2 y 8 %, siendo entre la especie Argentina y Chilena de un 2%, mientras las diferencias entre otros géneros varía entre 9 y 17%. En cambio, con el gen COI (Fig. 3) se observa que los especímenes de Argentina provenientes del Canal Colector del Río Salado y de Tapera de López pertenecen a una misma especie; pero diferente, a su vez, a la especie obtenida de las lisas de Chile. La distancia génica entre los especímenes de Argentina arroja un valor de 1 %, y contrastados con los de Chile una distancia génica de 16%. Estudios morfológicos, que se están llevando a cabo actualmente, permitirán establecer la identidad específica para los parásitos hallados en ambos países.