



ESTUDIOS FILOGEOGRÁFICOS EN CANGREJOS DE AGUA DULCE DE LA FAMILIA AEGLIDAE

Gisela Loretán

Doctorado en Ciencias Biológicas

Director: Dr. Federico Giri; co-directora: Dra. Eva Rueda

Lugar de realización: Laboratorio de Macrocrustáceos (Instituto Nacional de Limnología). Laboratorio de Genética. Departamento de Ciencias Naturales. FHUC-UNL

Fecha de la defensa: 30 de octubre de 2020

gisela.loretan@yahoo.com.ar

Resumen

Los eventos modeladores del paisaje que afectaron América del Sur desde el Mioceno hasta la actualidad, determinaron la estructura actual de los ambientes acuáticos continentales, influenciando la dinámica y la evolución de las especies presentes. La interrupción del flujo génico (aislamiento), producto de estos eventos geoclimáticos, sería una de las causas de la riqueza de los decápodos dulceacuícolas de determinadas familias, ya que presenta un escenario propicio para la especiación. El origen, distribución y diversificación de *Aegla* han sido y son motivo de discusión y las relaciones filogenéticas de sus especies han intrigado a los biólogos durante mucho tiempo. Los cangrejos de agua dulce de la familia Aeglidae tienen características que los convierten en un grupo muy adecuado para estudios evolutivos: algunas especies muestran altos niveles de endemismo y requerimientos de hábitat específicos, es la única familia de anomuros completamente restringida a ambientes de agua dulce, su posición taxonómica está en disputa y muchas de sus especies están amenazadas y, desde un punto de vista morfológico, porque poseen caracteres particulares en el cefalotórax y las branquias.

La evolución de los decápodos de agua dulce se puede caracterizar mediante estudios genéticos, utilizando marcadores moleculares. La filogeografía, que integra la genética de poblaciones y la filogenética desde una perspectiva geográfica, es una herramienta que puede ayudar a determinar el origen y radiación de las especies. Por otra parte, la morfometría geométrica como herramienta de estudio ha permitido identificar diferencias intra e interespecíficas en el cefalotórax de crustáceos, por lo que complementa la información que brindan los marcadores moleculares. La potencialidad del uso complementario de metodologías moleculares y morfométricas promueve la capacidad de discusión basada en evidencias sobre diferentes aspectos de la evolución de las especies, permitiendo esclarecer la historia y el futuro de los crustáceos dulceacuícolas de América del Sur.

En el marco de esta tesis se optimizaron los métodos moleculares que se utilizaron posteriormente en los análisis filogeográficos: dos marcadores mitocondriales previamente descritos (genes que codifican

para citocromo oxidasa I y II), un intrón nuclear (intrón del factor de elongación alfa 1), y se diseñaron 10 nuevos marcadores microsatélites en base a la secuenciación parcial de genomas de especies del género *Aegla*. A estas herramientas moleculares se les incorporó, en algunos casos, análisis de morfometría geométrica con el fin de complementar los resultados obtenidos.

La primera especie estudiada fue *Aegla singularis* que habita los cuerpos de agua de las cuencas del Uruguay y del Paraná al noreste de la Argentina, separadas en toda la longitud de su distribución por una cadena montañosa. Los análisis revelaron una alta estructuración genética y diferencias de forma y tamaño entre los especímenes de los sitios analizados lo cual sugiere que actualmente existen dos linajes genéticos de *A. singularis*, correlacionados con su origen geográfico. Por otro lado, entre las poblaciones de *Aegla* colectadas en Misiones, algunos ejemplares fueron catalogados como *Aegla* sp., ya que presentaron tanto caracteres diagnósticos de *A. platensis* como *A. singularis* (especies simpátricas en dicha región). Utilizando las herramientas moleculares y de morfometría geométrica se pudo concluir que estos individuos en realidad son una variación intraespecífica del grupo *A. singularis* cuyo origen geográfico es de la cuenca del "Uruguay".

Finalmente, se analizó *Aegla scamosa*, que habita los ríos y arroyos de la cuenca del río Desaguadero en la zona de Cuyo de Argentina. En esta especie, se encontraron diferencias según las herramientas utilizadas; la evidencia nuclear, que refleja mayor estructura, estaría mostrando la distribución de los linajes de estos aéglicos cuando los ríos de las subcuencas se hallaban separados y con flujo génico limitado entre las poblaciones. Por otra parte, la información de la mitocondria, que muestra el pasado intermedio, pone en evidencia la unión de los ríos posterior al levantamiento de los Andes, con el consiguiente aumento de la conectividad de los sistemas y el mayor flujo genético entre las poblaciones.

Los aportes presentados demostraron, en primer lugar, que es de suma importancia utilizar variedad de herramientas tanto moleculares como de morfometría geométrica para responder a las hipótesis y objetivos planteados en torno a preguntas filogeográficas. Por otra parte, el estudio de la filogeografía la familia Aeglidae demuestra que no sólo los eventos geoclimáticos son una de las causas de su actual diversidad de especies, sino que su gran diversidad genética y variación morfológica fueron un elemento clave en la gran radiación y colonización de ambientes que marcaron su historia evolutiva.

Abstract

PHYLOGEOGRAPHIC STUDIES IN FRESHWATER CRABS OF THE AEGLIDAE FAMILY

The origin, distribution and diversification of *Aegla* have been and are the subject of discussion and the phylogenetic relationships of its species have intrigued biologists for a long time. Freshwater decapods evolution can be characterized by genetic studies, using molecular markers and geometric morphometrics. The general aim of this thesis was: analyze and characterize phylogeographic aspects in freshwater crabs of the Aeglidae family. The phylogeography of two *Aegla* species was studied. On the one hand,

A. singularis showed there are currently two genetic lineages in the species, correlated with its geographical origin. On the other hand, *A. scamosa*, showed a genetic structuring among the sub-basins under study and a differentiation between the patterns found through nuclear and mitochondrial evidence. Specimens of *Aegla* sp., with intermediate diagnostic characters were also studied. It was found, by molecular and morphometric methods, that those specimens were a variation *A. singularis* species. The contributions presented showed, first of all, that it is of utmost importance to use a variety of tools, both molecular and geometric morphometrics, to answer the hypotheses and objectives posed around phylogeographic questions. On the other hand, phylogeography study of Aeglidae family shows that the geoclimatic events that occurred in its range were one of the causes of its current species diversity. However, the great genetic diversity and morphological variation that these crabs have were also a key element in the great radiation and environments colonization that marked the family evolutionary history.