

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE *Ovalipes trimaculatus* EN POBLACIONES PROVENIENTES DE LOS OCÉANOS PACÍFICO Y ATLÁNTICO Coronel, Florencia¹; Soperes, Eugenia¹

¹Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias- Universidad Nacional del Litoral
Director/a: Loretán, Gisela
Codirector/a: Rueda, Eva

Área: Ciencias Biológicas

Palabras claves: *Ovalipes trimaculatus*, marcadores moleculares, 16S.

INTRODUCCIÓN

Ovalipes trimaculatus (De Haan, 1833) es un cangrejo conocido como “jaiba remadora” o “Jaiba blanca” (figura 1), que pertenece a la familia Portunidae (Brachyura- Decápoda). Ha sido identificada en Sudáfrica, Australia y Japón, además de diversos países de América del Sur incluyendo Chile y Argentina (Álvarez et al. 2009; Vinuesa 2005; Melo 1999). Se trata de un animal que a tiene gran impacto en la economía regional de las provincias en la Patagonia. Es una especie comercial que tiene su mayor explotación en la pesca artesanal, pero que presenta favorables características para su utilización como recurso económico, lo que ha llevado a indagar en mayor profundidad su biología reproductiva, el régimen actual de pesquería artesanal y la viabilidad de su posible extracción (De la Barra et al. 2019, 2018; Lezcano et al. 2015; Vallina et al. 2014). Narvarte et al. (2007) han establecido medidas a priori para la extracción de esta especie, las cuales reafirman la falta de estudios que complementen la información actual y permitan incrementar el conocimiento de las poblaciones para así explotar este recurso de manera sostenible.



Figura 1: *Ovalipes trimaculatus*. Extraído de: <https://www.naturalista.mx/observations/24817127>

Como se expuso anteriormente, los estudios realizados hasta el momento se abocan a poblaciones en sitios puntuales, y debido a que se trata de un invertebrado que presenta una etapa de larva planctónica que puede ser muy larga e incluir grandes desplazamientos (Schoeman & Cockcroft 1996; Boschi, E. E. 1974), creemos que es importante enfocar los análisis en las poblaciones de distintas localidades para estimar si se comportan como una única población o si se desarrollan independientemente una de la otra. Esto teniendo en cuenta que los diferentes mecanismos de cambio como procesos históricos, diferentes historias de vida y distancia geográfica pueden modificar la información genética entre subpoblaciones de una especie (Segura-Correa & Montes-Pérez 2001). Las variaciones genéticas obtenidas a partir de

estas modificaciones son las responsables de las adaptaciones evolutivas que presentan las poblaciones silvestres y son estimadas a través de datos provenientes de marcadores moleculares (Tripp-Valdez 2009; Alcántara 2007). El ADN mitocondrial es considerado una herramienta con un poder de alta resolución en la filogenia y taxonomía de animales, debido a que parece no tener recombinación y, en la mayoría de los casos, se hereda solo por línea materna (Hebert et al. 2003). Se trata de una herramienta que ha mostrado ser eficaz en diferentes estudios realizados sobre crustáceos decápodos (Martin et al. 2016; Schubart 2009). Actualmente, se usan genes para la identificación de especies, entre los cuales se encuentran: 16S (codifica para ARN ribosomal), Cyt b (codifica para para la subunidad b del Citocromo b), COI y COII (subunidades I y II de la Citocromo oxidasa).

OBJETIVOS

- Determinar si existe estructura genética entre las poblaciones de *Ovalipes trimaculatus* bajo estudio.
- Determinar si hay diferencia entre la estructura genética de las poblaciones de *Ovalipes trimaculatus* provenientes del Océano Pacífico (Chile) y Atlántico (Argentina y Uruguay)

Título del proyecto: "EVIDENCIAS DE EVOLUCIÓN EN ESPECIES DE AMBIENTES CONTINENTALES DE AMÉRICA DEL SUR. LA FAMILIA AEGLIDAE (DECAPODA ANOMURA) COMO MODELO DE ESTUDIO"

Instrumento: PICT

Año convocatoria: 2014

Organismo financiador: ANPCyT

Director/a: Dr. Giri Federico

METODOLOGÍA

Sitio de muestreo: Las muestras fueron otorgadas por el Lic. Aníbal Lezcano al Laboratorio de Genética de la Facultad de Humanidades y Ciencias. Pertenecen a las localidades de Coquimbo (Elqui) y Valdivia (Valdivia) correspondientes a Chile, y Rada Tilly (Chubut), San Antonio Oeste (Río Negro), Mar del Plata (Buenos Aires), Cerro avanzado (Chubut) en Argentina, y Uruguay.

Obtención de ADN genómico: El ADN de las muestras recolectadas se obtuvo a partir del protocolo de extracción con cloruro de sodio (NaCl) citado por Ojeda et al. (2012). El ADN obtenido fue analizado por electroforesis en geles de agarosa 0,8% para evaluar la calidad y concentración.

Amplificación de marcadores moleculares: la amplificación se realizó utilizando la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). Se utilizaron los marcadores que codifican parte de la región 16S del genoma mitocondrial según los protocolos citados por Schubart 2009. Los productos de PCR fueron visualizados en geles de agarosa al 2 % teñidos con el colorante GelGreen® en transiluminador de luz oscura para verificar la amplificación del fragmento de interés.

Secuenciación: Los productos de PCR fueron enviados a la empresa Macrogen Inc. para la secuenciación de los amplicones obtenidos.

Análisis estadísticos: Las secuencias obtenidas, han sido utilizadas para la identificación taxonómica, la descripción de diversidad genética y estructura poblacional de las especies. Para la identificación de especies, se utilizaron las bases de datos genéticos disponibles en

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

- Alcántara, M. R.** (2007). Breve revisión de los marcadores moleculares. *Ecología molecular*, 541-566.
- Alvarez, J., Véliz, C., & Meruane, J.** (2009). Estados del ciclo de muda de la jaiba nadadora *Ovalipes trimaculatus* (de Haan, 1833) basados en observaciones de la morfología externa. *Revista de biología marina y oceanografía*, 44(1), 217-225.
- Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A.** (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 16(1), 37-48.
- Boschi, E. E.** (1974). *Biología de los crustáceos cultivables en América Latina*. Food and Agriculture Organization of the United States.
- De Haan, w.** (1833) - Crustacea. In Fauna Japonica. Von Siebold, P. F. (Ed.). Amsterdam; J. Miiller and Sons: pp i-xvii, IXXXI, 1-24, pls I-55, A-Q.
- De la Barra, P., Iribarne, O., & Narvarte, M.** (2019). Combining fishers' perceptions, landings and an independent survey to evaluate trends in a swimming crab data-poor artisanal fishery. *Ocean & Coastal Management*, 173, 26-35.
- De la Barra, P., Botto, F., Iribarne, O., & Narvarte, M.** (2018). Patterns of habitat partitioning for the portunid crab *Ovalipes trimaculatus* in coastal Patagonian waters. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 213, 92-97.
- De Melo, G. A. S.** (1999). Manual de identificação dos crustácea decapoda do litoral Brasileiro: Anomura, Thalassinidea, Palinuridea, Astacidea. Editora Plêiade; *Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo*.
- Excoffier, L., & Lischer, H. E.** (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3), 564-567.
- Hebert, P. D., Cywinska, A., & Ball, S. L.** (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.
- Huelsenbeck, J.P., & Ronquist, F.** (2001). MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics* 17:754-755.
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K.** (2016). MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, 33(7), 1870-1874.
- Lezcano, A. H., Quiroga, M. L. R., Liberoff, A. L., & Van der Molen, S.** (2015). Marine pollution effects on the southern surf crab *Ovalipes trimaculatus* (Crustacea: Brachyura: Polybiidae) in Patagonia Argentina. *Marine pollution bulletin*, 91(2), 524-529.
- Librado, P., & Rozas, J.** (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451-1452.
- Martin, J. W., Crandall, K. A., & Felder, D. L.** (2016). A Proposal for a New Classification of Portunoidea and Cancroidea (Brachyura: Heterotremata) Based on Two Independent Molecular Phylogenies. In *Decapod Crustacean Phylogenetics*(pp. 545-562). CRC Press.
- Narvarte, M., González, R., Osovnikar, P., Camarero, M., Curtolo, L., & Reinaldo, M. O.** (2007). Experimental trap fishery for the crabs *Platyxanthus patagonicus* and *Ovalipes trimaculatus* in the San Matias Gulf, Patagonia, Argentina. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 87(5), 1235-1242.
- Ojeda, G. N., Amavet, P. S., Rueda, E. C., & Siroski, P. A.** (2012). DNA extraction from skins of wild (*Hydrochaeris hydrochaeris* and *Pecari tajacu*) and domestic (*Sus scrofa domestica*) species using a novel protocol. *Genetics and Molecular Research*, 11(1), 672-678.
- Rambaut, A.** (2009). FigTree v1. 3.1. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.
- Schoeman, D. S., & Cockcroft, A. C.** (1996). A description of *Ovalipes trimaculatus* (De Haan, 1833)(Brachyura: Portunidae: Polybiinae) zoeae reared in the laboratory. *South African Journal of Marine Science*, 17(1), 113-134.
- Schubart, C. D.** (2009). Mitochondrial DNA and decapod phylogenies: the importance of pseudogenes and primer optimization. *Decapod crustacean phylogenetics*, 47, 65.
- Segura-Correa, J. C., & Montes-Pérez, R. C.** (2001). Razones y estrategias para la conservación de los recursos genéticos animales. *Revista Biomédica*, 12(3), 196-206.
- Tripp Valdez, M. Á.** (2009). Análisis de la estructura genética poblacional del dorado (*Coryphaenahippurus*; linnaeus, 1758) en el noroeste del pacífico mexicano y Golfo de California mediante el uso de microsatélites (Maestría). Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, La Paz, Mexico.
- Vallina, M., Paz Sal Moyano, M., Cuartas, E. I., & Gavio, M. A.** (2014). Reproductive system and size maturity of the paddle crab *Ovalipes trimaculatus* (Brachyura: Portunidae) along the Argentine coast. *Journal of Crustacean Biology*, 34(3), 357-366.
- Vinuesa, J. H.** (2005). Distribución de crustáceos decápodos y estomatópodos del golfo San Jorge, Argentina. *Revista de biología marina y oceanografía*, 40(1), 7-21.