
DIVERSIFICACIÓN GENÉTICA DE PECES NEOTROPICALES: EL IMPACTO DE LAS VARIACIONES DEL NIVEL DEL MAR Y LA FRAGMENTACION DE CUENCAS

Lic. Yanina F. Briñoccoli

RESUMEN

El Neotrópico es una región que alberga la mayor diversidad de peces de agua dulce del mundo y tiene la mayor proporción de su territorio en forma de llanura lo cual hace a esta región muy susceptible a los siguientes procesos: (1) fragmentación-reconexión de cuencas; (2) variaciones del nivel del mar. Estos eventos se encuentran dirigidos por los cambios climáticos, generando de este modo una relación entre ellos.

El proceso de fragmentación de cuencas ocurre durante períodos secos donde una cuenca puede fragmentarse en varios sistemas endorreicos. En esta tesis, analizamos varias especies de peces de agua dulce utilizando ADN mitocondrial. Se realizaron análisis de redes de haplotipos, AMOVA, SAMOVA, prueba de Mantel y análisis de redundancia basado en distancias (db-RDA). Con esta metodología se puso a prueba la influencia de los tres tipos de aislamiento: aislamiento por distancia (IBD), aislamiento por barrera (IBB) y aislamiento por ambiente (IBE). Los resultados mostraron que la fragmentación de cuencas (IBB) desempeña un papel importante en la estructura genética de *Jenynsia lineata* y *Hypostomus cordovae*, mientras que el sistema hidrográfico (IBB) es relevante para *Corydoras longipinnis*. La distancia geográfica (IBD) contribuyó a la diferenciación de *H. cordovae*, *Rineloricaria catamarcensis* y el grupo continental "*Oligosarcus jenynsii*". Además, la altitud (IBE) fue un factor en *J. lineata*, el grupo continental "*O. jenynsii*" y *C. longipinnis*. Por otro lado, obtuvimos el primer registro de *Rhamdella aymarae* en el río Pilcomayo. En cuanto a *Acrobrycon tarijae*, los análisis moleculares mostraron una estructura genética dentro de esta especie que revela la existencia de dos linajes mitocondriales además de sugerir que dicha estructura genética es resultado del tipo de cuenca y la distancia geográfica. Para *R. aymarae* y *A. tarijae* ya no hablamos de estructuración a nivel de poblaciones, sino a nivel de especies.

Las variaciones del nivel del mar durante los períodos de alto nivel del mar provocan intrusiones marinas hacia el continente. Para evaluar este efecto se ha elegido estudiar a un grupo de especies de pejerreyes, “grupo *Odontesthes argentinensis*”, que habita la cuenca del Plata y alrededores. Se sabe que este grupo ha invadido repetidamente cuerpos de agua en tierras bajas para dar lugar a radiaciones rápidas de especies. Para el estudio de este grupo realizamos una secuenciación a nivel genómico con la técnica ddRAD-seq la cual provee un marco robusto para el estudio del género. En esta tesis actualizamos la última filogenia reportada incluyendo tres especies más (*O. nigricans*, *O. piquava* y *O. platensis*). Además, analizamos las estructuras poblacionales de *O. argentinensis* y *O. bonariensis*, mediante la reconstrucción de redes, agrupamiento en clúster, Mantel test y Análisis de Componentes Principales. Analizamos poblacionalmente a los individuos de *O. argentinensis* en los cuales observamos dos agrupamientos, uno de los cuales estuvo compuesto por individuos pertenecientes a la Laguna Costera Mar Chiquita. Por otro lado, para *O. bonariensis* también observamos dos clústeres y un aislamiento por distancia significativo. En los análisis de *O. ledae*, *O. piquava*, *O. miriensis* y *O. perugiae* no pudimos recuperar la monofilia ni lograr diferenciar con éxito a las primeras dos especies. Con nuestros resultados reforzamos la hipótesis de que los pejerreyes marinos transicionaron al agua dulce desde el Río de la Plata, donde posteriormente hubo una gran radiación de especies dulceacuícolas. Estos resultados aportan refuerzan las hipótesis que sugieren que el cambio de hábitat ha jugado un rol importante en la diversidad de especies del género *Odontesthes* y dan indicios de cómo la diversidad intra-específica puede llevarse a cabo.

También se demostró que los procesos de estructuración y la divergencia evolutiva en las poblaciones de peces neotropicales son diversos y complejos, los cuales deben seguir siendo evaluados para preservar la variedad de caminos evolutivos y permitir el surgimiento de nueva diversidad.

Palabras clave: Neotrópico; diversidad de peces; ADN mitocondrial; ddRAD-seq; estructura genética; transición al agua dulce.

SUMMARY

The Neotropics is a region that hosts the highest diversity of freshwater fish species in the world and has the largest proportion of its territory in the form of plains, making it highly susceptible to different processes: (1) basin fragmentation-reconnection; (2) sea level variations. These events are directed by climatic changes, thus creating an interrelation between them.

The process of basin fragmentation occurs during dry periods, where a basin can split into multiple endorheic systems. In this thesis, we analyzed several species of freshwater fish using mitochondrial DNA. Analyses of haplotype networks, AMOVA, SAMOVA, Mantel tests, and distance-based redundancy analysis (db-RDA) were conducted. This methodology tested the influence of three types of isolation: isolation by distance (IBD), isolation by barrier (IBB), and isolation by environment (IBE). Results showed that basin fragmentation (IBB) plays a crucial role in the genetic structure of *Jenynsia lineata* and *Hypostomus cordovae*, while the hydrographic system (IBB) is relevant for *Corydoras longipinnis*. Geographical distance (IBD) contributed to the differentiation of *H. cordovae*, *Rineloricaria catamarcensis*, and the continental group "*Oligosarcus jenynsii*". Moreover, altitude (IBE) was a factor in *J. lineata*, the continental group "*O. jenynsii*", and *C. longipinnis*. Additionally, we obtained the first record of *Rhamdella aymarae* in the Pilcomayo River. Concerning *Acrobrycon tarijae*, molecular analyses revealed a genetic structure within this species, indicating the existence of two mitochondrial lineages, suggesting that this genetic structure results from the type of basin and geographical distance. For *R. aymarae* and *A. tarijae*, we are no longer discussing population-level structuring but species-level differentiation.

Sea level variations during high sea level periods cause marine ingresses onto the continent. To assess this effect, we chose to study a group of species of pejerrey, the "*Odontesthes argentinensis*" group, inhabiting the Plata Basin and surrounding areas. This group has repeatedly invaded lowland water bodies, giving rise to rapid species radiations. For the study of this group, we conducted genomic-level sequencing using ddRAD-seq providing a robust framework for genus study. In this thesis, we updated the last reported phylogeny, including three more species (*O. nigricans*, *O. piquava*, and *O. platensis*). Furthermore, we analyzed the population structures of *O. argentinensis* and *O. bonariensis* through network reconstruction, cluster grouping, Mantel tests, and Principal

Component Analysis. Population-level analysis of *O. argentinesis* showed two clusters, one composed of individuals from the Coastal Mar Chiquita Lagoon. On the other hand, for *O. bonariensis*, we also observed two clusters and significant isolation by distance. In the analyses of *O. ledae*, *O. piquava*, *O. miriensis*, and *O. perugiae*, we couldn't recover monophyly or successfully differentiate the first two species. Our results reinforced the hypothesis that marine pejerrey transitioned from the Rio de la Plata to freshwater, followed by a significant species radiation. These findings support hypotheses suggesting that habitat change has played a vital role in the species diversity of the *Odontesthes* genus and provide insight into how intra-specific diversity can occur.

We demonstrated that the processes of structuring and evolutionary divergence in Neotropical fish populations are diverse and complex, requiring continued evaluation to preserve the variety of evolutionary paths and facilitate the emergence of new diversity.

Keywords: Neotropics; fish diversity; mitochondrial DNA; ddRAD-seq; genetic structure; freshwater transition.