

Aportando a nuestros océanos a través de los Equinodermos de Latinoamérica

Libro de Resúmenes

















Contenido

- 1. Homenaje a Charles Messing
- 2. Comité Organizador
- 3. Comité Científico
- 4. Conferencias magistrales
- 5. Ponenias orales
- 6. Pósters
- 7. Listado de participantes

El libro de resúmenes del VI Congreso Latinoamericano de Equinodermos es una publicación de la Corporación Centro de Excelencia en Ciencias Marinas CEMarin, con apoyo de la Red Iberoamericana de Equinodermos, el Invemar, la Universidad Nacional, la Universidad del Valle y el Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible.

©2025. Todos los derechos reservados. El material de esta edición puede ser usado por investigadores y educadores para uso académico o científico por investigadores y educadores. Para cualquier otro uso, por favor contactarnos a info@cemarin.org

Edición por el CEMarin Universidad Jorge Tadeo Lozano, Cra. 4 #22-61 Edificio A | Of: 701-703

















EVIDENCIAS DE ALTA DIVERSIDAD GENÉTICA EN Ophiactis asperula (OPHIUROIDEA) DEL ATLÁNTICO SUDOCCIDENTAL MEDIANTE EL ANÁLISIS DEL GEN COI

Huenten, D.^{1*}, de Aranzamendi, M.C.^{2,3}, Brogger, M.I.¹

- ¹ Instituto de Biología de Organismos Marinos (IBIOMAR) CONICET, Laboratorio de Reproducción y Biología Integrativa de Invertebrados Marinos. Bv. Almte. Brown 2915, Puerto Madryn, Argentina.
- ² Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA) CONICET, Av. Vélez Sarsfield 299, Córdoba, Argentina.
- ³ Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Ecología Marina. Av. Vélez Sarsfield 299, Córdoba, Argentina.

* Correo electrónico: danhuenten@gmail.com

Ophiactis asperula (Philippi, 1858) es una especie de estrella quebradiza abundante en las regiones subantárticas y templadas del hemisferio sur, abarcando el océano Atlántico sudoccidental y el océano Pacifico sudoriental. Se caracteriza por ser una especie gonocórica, con desarrollo directo a través de una larva planctotrófica, lo que le otorga un gran poder dispersivo. En este estudio, se propuso evaluar los patrones de variabilidad genética de la especie mediante la secuenciación de un fragmento de 763 pb del marcador mitocondrial citocromo oxidasa I (COI). Se analizaron secuencias de individuos recolectados en distintos puntos a lo largo del Mar Argentino y a diferentes profundidades. Las poblaciones naturales fueron divididas en grupos geográficos (Talud continental, Mar del Plata, Tierra del Fuego, Banco Burdwood e Islas Malvinas). Las relaciones entre los haplotipos se estimaron mediante la construcción de una red con el algoritmo Median Joining Network. El programa DnaSP se utilizó para inferir el número de sitios variables, y la diversidad nucleotídica (π) y haplotípica (H). A fin de analizar la diversidad genética dentro de los grupos geográficos y la divergencia entre éstos, se calcularon las distancias genéticas con MEGA. Se detectó una alta diversidad haplotípica (H = 1 ± 0.013) y una baja diversidad nucleotídica (π = 0.015 ± 0.001) con 64 sitios variables separados, en su mayoría, por escasos pasos mutacionales. La red de haplotipos no muestra evidencia de estructuración geográfica, sugiriendo una alta conectividad genética entre las poblaciones estudiadas. Las distancias genéticas promedio dentro de cada grupo (1,41%-1,97%) resultaron similares a las observadas entre grupos de poblaciones de O. asperula (1,33%-2,28%). Los resultados obtenidos podrían sugerir una expansión de rango reciente de la especie. Este estudio está en curso y análisis futuros permitirán una comprensión más profunda de los patrones de variabilidad genética y conectividad en O. asperula, ofreciendo nuevas perspectivas sobre su historia evolutiva y estructura poblacional.

Palabras Clave: Dispersión larval; Conectividad poblacional; Variabilidad genética; Haplotipos.













