““Impulsando el interés y desarrollo de la ciencia, tecnología, innovación y calidad en Paraguay”

FINANCIAMIENTO DE BECAS DE INVESTIGACIÓN
(SEGUNDA CONVOCATORIA)

Aportes al mejoramiento de la librería de códigos de barra genéticos de los Squamata de Paraguay

(Senkenberg Forshungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt/Alemania)

Guyra Paraguay

Pier Cacciali – pier_cacciali@yahoo.com / especies@guyra.org.py

RESUMEN

Los códigos de barra genéticos surgen como una estrategia relativamente económica y sencilla para resolver preguntas, principalmente taxonómicas, pero con incidencia en una vasta gama de áreas de las ciencias biológicas, tales como la evolución, ecología, biogeografía, etología, y biología de la conservación, entre otras. Esta técnica permite identificar las relaciones filogenéticas y conocer las distancias genéticas a modo de tomar decisiones sobre qué puede ser considerado una especie. En este sentido, esa información puede incidir en evaluar si existe conectividad entre poblaciones, evaluando la eficiencia de corredores biológicos; tiempos de divergencia para conocer los lapsos de los procesos evolutivos, y cómo se relacionan las filogenias con los comportamientos de los clados estudiados.
En Paraguay se realizaron estudios de códigos de barra genéticos dando como resultado la sinonimización de dos especies, revalidación de una y descripción de tres nuevas especies para la ciencia. Además, un trabajo de elaboración de una biblioteca de códigos de barra genéticos de Squamata de Paraguay disponible en GenBank, de acceso público.
En mi estancia de investigación, contribuí a analizar más muestras genéticas, con lo cual se incrementa le volumen de datos disponibles en GenBank sobre la fauna de reptiles de Paraguay. Los datos están siendo analizados, con énfasis en gimnoftálmidos, geckos, y serpientes venenosas (géneros *Micrurus* y *Bothrops*), ya que la taxonomía de estos dos últimos grupos está en profunda investigación a nivel regional. Finalmente, un grupo que está teniendo énfasis en las investigaciones, es el género *Homonota* en el Chaco, ya que se secuenciaron muestras procedentes de un área intermedia de la distribución de las dos especies conocidas del Chaco. Los resultados pueden ayudar a entender las relaciones entre caracteres diagnósticos, o generar interrogantes sobre competencia a nivel sintópico entre ambas especies.

OBJETIVOS

- Secuenciar muestras de mt ADN de Squamata de Paraguay.
- Integrar los datos a muestras ya generadas en bibliotecas públicas.
- Analizar datos morfológicos para comparar poblaciones del género *Teius.*
- Fortalecer redes de investigación con instituciones de alto nivel.
- Difundir resultados.

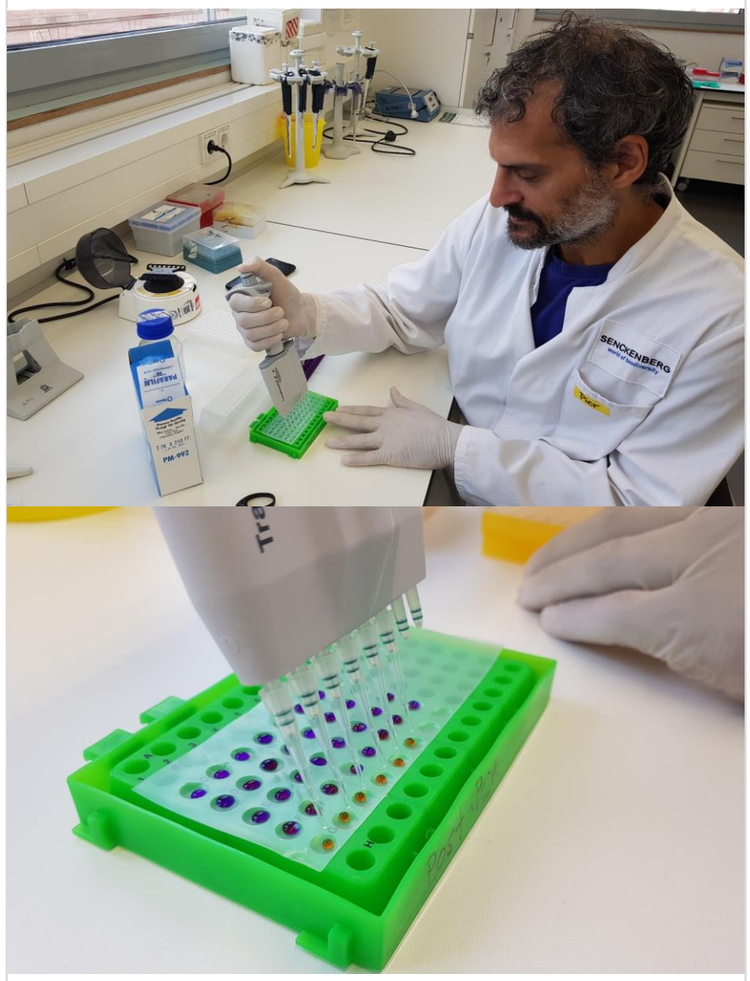
APORTES DE LA INVESTIGACIÓN

Se generaron datos genéticos para especies de Paraguay, con lo cual se contribuye a su comprensión científica, por lo que así el país demuestra un progreso enorme en cuanto al conocimiento de su diversidad biológica.

Además, la transferencia de conocimientos está excediendo las expectativas, ya que existe un grupo de unas 10 personas (profesionales y estudiantes avanzados) que están integrando talleres de trabajo, en donde nos encargamos de analizar las secuencias generadas, con el fin de involucrarlos en el estudio de análisis genéticos. Se espera que del grupo salgan profesionales que puedan potenciar el uso de herramientas genéticas aplicadas a la taxonomía, biogeografía, conservación y ecología de nuestros recursos naturales.

ACTIVIDADES REALIZADAS

Extracción de ADN de muestras de tejido. Amplificación de secuencias.
Procesamiento de productos finales. Incorporación de las secuencias a GenBank
Mediciones y conteos de escamas. Análisis de datos.
Generación de ideas de proyectos de investigación con los miembros de la sección de herpetología del Senckenerg.
Análisis de datos y redacción.



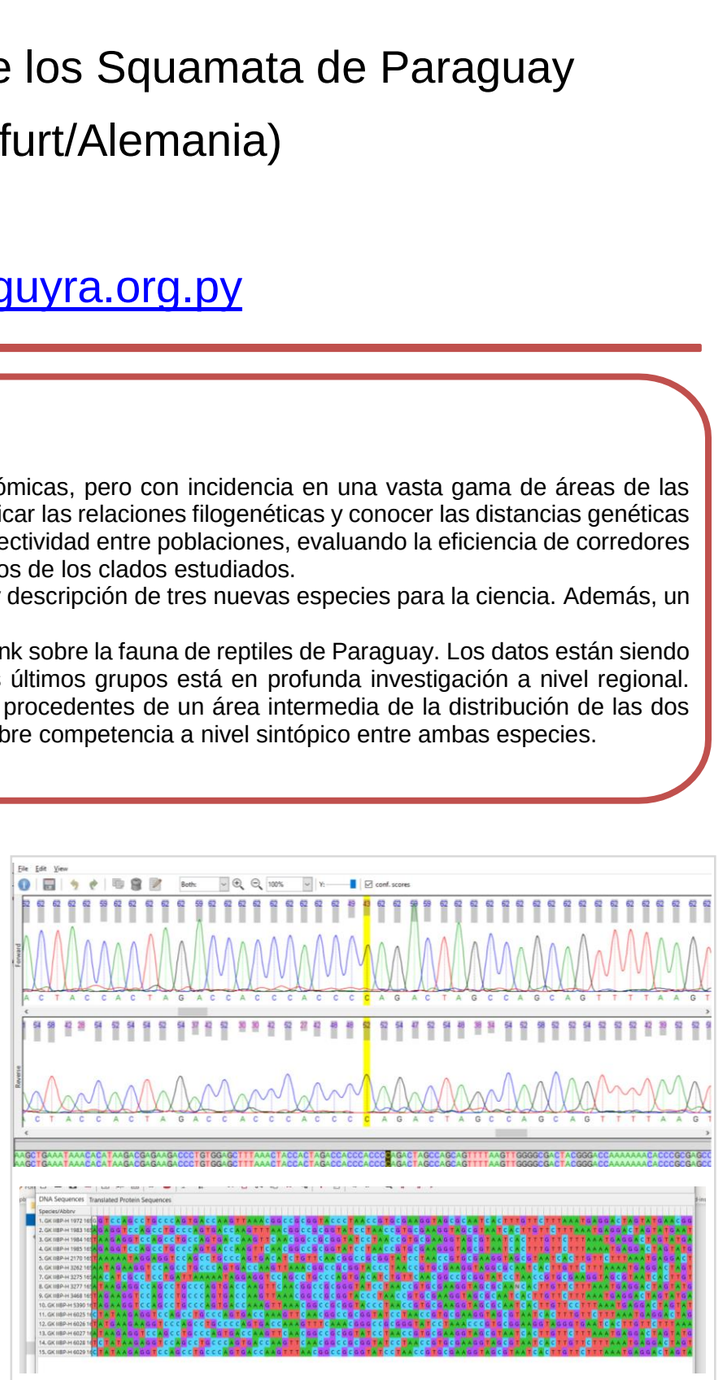
RESULTADOS OBTENIDOS

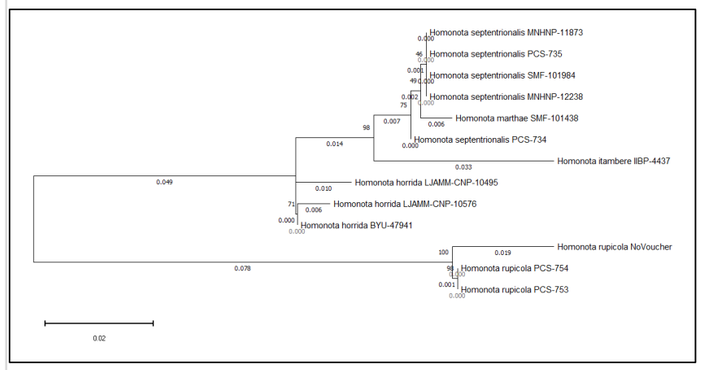
Se generaron de momento 40 nuevas secuencias para Paraguay, y estamos a la espera de que se terminen de secuenciar otras 20.

Ya se cargaron algunas secuencias a GenBank que estarán disponibles el año que viene.

Se generaron ideas de publicaciones y proyectos en conjunto con investigadores del Senckenberg.

Se está trabajando en un taller de genética aplicada a la conservación de fauna del Paraguay.





CONCLUSIONES

De manera preliminar, los datos muestran que existen incongruencias taxonómicas que deben ser evaluadas. Esto se llevará adelante con los géneros *Homonota* y *Micrablepharus* en los próximos meses.
De momento, análisis preliminares del género *Teius* no muestran evidencias de discriminación de poblaciones ni a nivel genético ni morfológico.
Existe una clara necesidad de conocimiento sobre herramientas genéticas en el país, y mediante la creación de un taller de genética, se está llenando un nicho de investigación poco atendido en el país.

VISIÓN Y PLANES FUTUROS

Las perspectivas de investigaciones son infinitas. Existe mucho trabajo por hacer, y muchas preguntas que resolver. De momento los desafíos son iniciar trabajos con linajes de lagartijas chaqueñas, para evaluar las necesidades de conservación.

“Esta estancia de investigación fue cofinanciada por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) con recursos del FEEI”