

Actualización de la distribución de *Rhamdella aymarae* (Siluriformes: Heptapteridae)

Yanina F. BRINOCOLI¹, Sergio BOGAN², Juan M. MELUSO² & Yamila P. CARDOSO³

¹CONICET. Laboratorio de Ictiofisiología y Acuicultura. Instituto Tecnológico Chascomús (INTECH), Av. Intendente Marino Km 8,2 (B7130IWA). Chascomús, Buenos Aires, Argentina. ybrinocoli@gmail.com.

²Fundación de Historia Natural "Félix de Azara". Departamento de Ciencias Naturales y Antropología, Universidad Maimónides, Hidalgo 775 piso 7 (1405BDB). Buenos Aires, Argentina. sergiobogan@yahoo.com.ar; juanmmeluso@hotmail.com. ³CONICET. Laboratorio de Sistemática y Biología Evolutiva (LASBE), Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Paseo del Bosque S/N, (B1900FWA). La Plata, Buenos Aires, Argentina. yamilapcardoso@gmail.com

Abstract: The genus *Rhamdella* is included in the family Heptapteridae and comprises six species distributed in Argentina, Brazil and Bolivia. *Rhamdella aymarae* was originally described from the Itiyuro River, an arheic basin in the North of Salta, Argentina. According to a proposed phylogenetic based on morphological characters, *R. aymarae* and *R. rusbyi* are the sister group of remaining species of this genus. In this article, we report for the first time *Rhamdella aymarae* from the Pilcomayo River Basin and extend its distribution to the province of Santiago del Estero. We perform a phylogenetic reconstruction based on mitochondrial marker COI, which allowed to corroborate the taxonomic assignment of the studied specimens and showed that *Rhamdella* is not a monophyletic group. This contribution shows evidence that the relationships between genera of the family Heptapteridae require more detailed studies to define their classification.

Key words: Heptapterids, Urueña, Itiyuro, Pilcomayo, Biogeography.

Resumen: El género *Rhamdella* está incluido en la familia Heptapteridae e integrado por seis especies distribuidas en Argentina, Brasil y Bolivia. *Rhamdella aymarae* fue descrita originalmente para la cuenca arreica del río Itiyuro, en el norte de Salta, Argentina. Según una propuesta filogenética basada en caracteres morfológicos *R. aymarae* y *R. rusbyi* son el grupo hermano de las especies restantes de este género. En este artículo citamos por primera vez la presencia de *Rhamdella aymarae* para la cuenca del río Pilcomayo y extendemos su distribución a la provincia de Santiago del Estero. Realizamos también una reconstrucción filogenética basada en el marcador mitocondrial COI, la cual permitió corroborar la asignación taxonómica de los ejemplares estudiados y demostró que el género *Rhamdella* no es un grupo monofilético. Esta contribución muestra evidencia de que las relaciones entre los géneros de la familia Heptapteridae requieren de estudios más detallados para definir su clasificación.

Palabras clave: Heptapteridos, Urueña, Itiyuro, Pilcomayo, Biogeografía.

INTRODUCCIÓN

Los bagres del género *Rhamdella* Eigenmann & Eigenmann, 1888 están incluidos en la familia Heptapteridae y constituyen un grupo monofilético, soportado por tres sinapomorfias: (i) apertura en el frontal para la salida de la rama S6 del canal latero sensorial supraorbital mucho más largo que las aperturas de las otras ramas sensoriales supraorbitales; (ii) foramen ópticos amplios, distintivamente mayores que el foramen del nervio trigeminofacial; y (iii) una banda oscura y delgada a lo largo de los flancos del cuerpo (Bockmann & Miquelarena, 2008). Además,

estos peces presentan: nueve costillas pleurales; 43-47 vértebras; las aletas pectorales con fuertes espinas; aleta caudal emarginada; fontanela craneal extendida por el supraoccipital y un proceso supraoccipital que no contacta con la placa nugal (Bockmann, 1994; Bockmann & Miquelarena, 2008).

Actualmente el género *Rhamdella* está integrado por seis especies: *R. longiuscula* Lucena & da Silva, 1991, la cual habita la cuenca del río Uruguay, *R. cainguae* Bockmann & Miquelarena, 2008, registrada para varios tributarios del río Paraná en la provincia de Misiones; *R. aymarae* Miquelarena & Menni, 1999, registrada en dos

localidades de la provincia de Salta; *R. rusbyi* Pearson, 1924, en el río Colorado y río Beni de la cuenca del Amazonas en Bolivia; *R. zelimai* Reis, Malabarba & Lucena, 2014, registrada en el nordeste de Río Grande do Sul y sur de Santa Catarina, Brasil y *R. eriarcha* (Eigenmann & Eigenmann, 1888) (especie tipo del género), la cual se encuentra en la Laguna dos Patos en Río Grande do Sul, Brasil y norte de Uruguay (Bockmann & Miquelarena, 2008; Benítez *et al.*, 2016; Reis *et al.*, 2014). Actualmente, Eschmeyer *et al.* (2015) incluyen también a *Rhamdella exudans* (Jenyns, 1842); *Rhamdella jenynsii* (Günther, 1864) ambas distribuidas en el estado de Río de Janeiro, Brasil y a *Rhamdella montana* Eigenmann, 1913 del río Ucayali, Perú, como especies válidas para este género.

Rhamdella aymarae es una especie de moderado porte (188 mm de LS), descrita originalmente para la cuenca arreica del río Itiyuro, en el norte de Salta, Argentina. Se diferencia de otras especies del género por presentar: ojos pequeños, distancia interdorsal e interorbital amplia, base de la adiposa larga, aletas pélvicas cortas y barbillas cortas (Bockmann & Miquelarena, 2008). Según la propuesta filogenética basada en caracteres morfológicos de Bockmann & Miquelarena (2008), *R. aymarae* es la especie hermana de *R. rusbyi*.

El objetivo de la presente comunicación es dar a conocer por primera vez la presencia de *R. aymarae* en el río Pilcomayo, discutir su distribución en Argentina e identificar molecularmente a la especie dando a conocer su posición filogenética basada en el marcador mitocondrial Citocromo Oxidasa Subunidad I (COI).

MATERIALES Y METODOS

Material examinado. Colección Ictiológica de la Fundación Félix de Azara (CFA-IC), Buenos Aires, Argentina. **Salta: CFA-IC-5110** (1 ejemplar) río Pilcomayo en Santa Victoria, proximidades de La Merced, Salta. 22°13'28.70"S / 62°40'48.94"O. Col. Y. Cardoso, S. Bogan y J. M. Meluso. 16/10/2015; Figs. 2A, 3A y 3B. **CFA-IC-10611** (1 Holotipo) río Itiyuro, 500 mts aguas abajo del dique Itiyuro, Ruta Nacional 34, entre Estación Pocitos y Aguaray. Departamento General José de San Martín. 22°07'S / 63°11'O. Col. R. Menni, A. Miquelarena y J. R. Casciotta. 11/10/1988. **CFA-IC-10612** (19 Paratipos) río Itiyuro, 500 mts aguas abajo del dique Itiyuro, Ruta Nacional 34, entre Estación Pocitos y Aguaray. Departamento General José de San Martín. 22°07'S / 63°11'O. Col. R. Menni, A.

Miquelarena y J. R. Casciotta. 11/10/1988. **CFA-IC-10613** (27 Paratipos) río Itiyuro, 500 mts aguas abajo del dique Itiyuro, Ruta Nacional 34, entre Estación Pocitos y Aguaray. Departamento General José de San Martín. 22°07'S / 63°11'O. Col. R. Menni, A. Miquelarena y J. R. Casciotta. 11/10/1988. **CFA-IC-10614** (5 Paratipos) río Itiyuro, 500 mts aguas abajo del dique Itiyuro, Ruta Nacional 34, entre Estación Pocitos y Aguaray. Departamento General José de San Martín. 22°07'S / 63°11'O. Col. R. Menni, A. Miquelarena y J. R. Casciotta. 11/10/1988. **CFA-IC-3289** (1) Cuenca arreica del río Itiyuro, Ruta Nacional 34, entre Pocitos y Aguaray. Col. R. Menni, A. Miquelarena y J. R. Casciotta. 11/10/1988. **CFA-IC-5167** (6) río Itiyuro y Ruta Nacional 34 km. 1481. 22°6'47.19"S / 63°42'28.98"O. Col. Y. Cardoso, S. Bogan y J. M. Meluso. 15/10/2015; Figura 2B, 3C y 3D. **CFA-IC-5013** (1) Cuenca arreica Urueña y Ruta Nacional 34 Km. 905, 26°13'6.53"S / 64°30'43.21"O. Col. Y. Cardoso, S. Bogan y J. M. Meluso. 19/10/2015. **CFA-IC-5025** (2) Cuenca arreica Urueña y Ruta Nacional 34 Km. 905, 26°13'6.53"S / 64°30'43.21"O. Col. S. Bogan y J. M. Meluso. 09/10/2015, Figura 2C, 3E y 3F. **Santiago del Estero: CFA-IC-3103** (2) Cuenca arreica Urueña, Santiago del Estero. 26°16'38,6"S / 64°23'12,6"O. Col. Y. Cardoso, A. Paracampo, C. Rivera y J. Montoya-Burgos. 27/11/2011.

Los materiales CFA-IC-3103; CFA-IC-3289; CFA-IC-5013; CFA-IC-5025; CFA-IC-5110 y CFA-IC-5167 fueron colectados con redes de arrastre y copos entre 1 y 1,50 metros de profundidad en las localidades mencionadas (Fig. 1). En el campo se tomó una muestra de tejido en alcohol para llevar a cabo análisis moleculares. Los ejemplares fueron fijados en formol y luego conservados en alcohol para ser depositados en la Colección Ictiológica de la Fundación Félix de Azara (CFA-IC).

Para la determinación de los ejemplares se utilizó la información proporcionada en la descripción original de la especie Miquelarena & Menni (1999) y los datos adicionales proporcionados en Bockmann & Miquelarena (2008). Las medidas se tomaron con calibre digital Stanley, del lado izquierdo de las muestras siempre que fuera posible y se registraron con una precisión de 0,1 mm. Medidas y conteos siguen a Lundberg & McDade (1986) con las modificaciones de Bockmann & Miquelarena (2008). Además se tomaron con la misma modalidad las medidas del Holotipo y un Paratipo a los fines de poder cotejar con la misma precisión la información presentada en la Tabla 1.

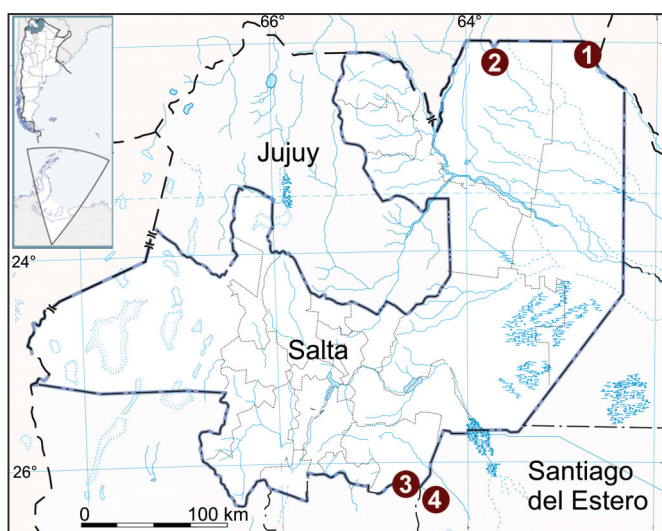


Fig. 1: Mapa del Noroeste Argentino indicando las localidades donde se registró *Rhamdella aymarae*. Salta. 1: río Pilcomayo en Santa Victoria, proximidades de La Merced; 2: río Itiyuro en Ruta Nacional 34; 3: río Urueña y ruta nacional 34. Santiago del Estero. 4: río Urueña y camino vecinal.

Extracción de ADN, reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y secuenciación

El ADN genómico total fue extraído usando el protocolo de extracción de sales (Aljanabi & Martínez, 1997). La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) fue utilizada para amplificar el gen mitocondrial COI siguiendo el protocolo de Ivanova *et al.* (2007). El protocolo de amplificación consistió en 94 °C por 2 min, 40 ciclos de 94 °C por 30 seg, 52 °C por 30 seg y 72 °C por 1 min, con una extensión final de 72 °C por 7 min. Los productos de PCR fueron visualizados mediante electroforesis horizontal en geles de agarosa al 1%. Las amplificaciones fueron enviadas a Macrogen Inc. (Seúl, Corea del Sur).

Análisis moleculares

Con el objetivo de identificar los ejemplares analizados se realizaron tres análisis filogenéticos. Las secuencias obtenidas más las secuencias disponibles en *GenBank* para especies de la misma familia se alinearon manualmente en BioEdit 7.2.6 (Hall, 1999). Luego, los datos fueron sometidos a tres métodos de reconstrucción filogenética. Los análisis fueron realizados con MEGA 7.0.26 (Tamura *et al.*, 2018) para *Neighbour Joining* (NJ) y *Maximum Likelihood* (ML). El análisis de Inferencia Bayesiana (IB) fue realizado con Mr. Bayes 3.2.6 (Ronquist *et al.*, 2012). En el método de distancia se empleó el modelo Kimura 2 Parámetros (K2P) (Kimura, 1980) para el cálculo de la divergencia entre las secuencias. Los

valores de confiabilidad de los nodos se obtuvieron mediante *bootstrapping* (Felsenstein, 1985) basado en 1.000 réplicas. En el análisis de ML se utilizó el modelo óptimo de sustitución nucleotídica (GTR+I+G). El análisis de IB fue realizado mediante dos corridas simultáneas con cuatro cadenas de Markov-Monte Carlo, que fueron corridas por 20⁶ generaciones, con una frecuencia de muestreo cada 100 generaciones, empleando el modelo GTR+I+G en el software Mr. Bayes 3.2.6 (Ronquist *et al.*, 2015), con un *burnin* de 1.001 generaciones, por lo cual el consenso final estuvo basado en 200.000 árboles. El valor de soporte de nodos fue expresado como probabilidad *a posteriori*.

RESULTADOS

Rhamdella aymarae

Miquelarena & Menni, 1999

El ejemplar colectado en el río Pilcomayo CFA-IC-5110 (Figs. 2A, 3A y 3B, Tabla 1 y 2) representa un nuevo registro para la especie *Rhamdella aymarae*, ampliando su distribución a una nueva cuenca (Tabla 1 y 2). Este ejemplar presenta 125 mm de longitud total y 98,3 mm de longitud estándar, exhibe los caracteres diagnósticos de la especie: con una profundidad del cuerpo de 16,9% con respecto a la longitud estándar (14,9-20,8% para los ejemplares tipo), ojos relativamente pequeños de 15% con respecto a la

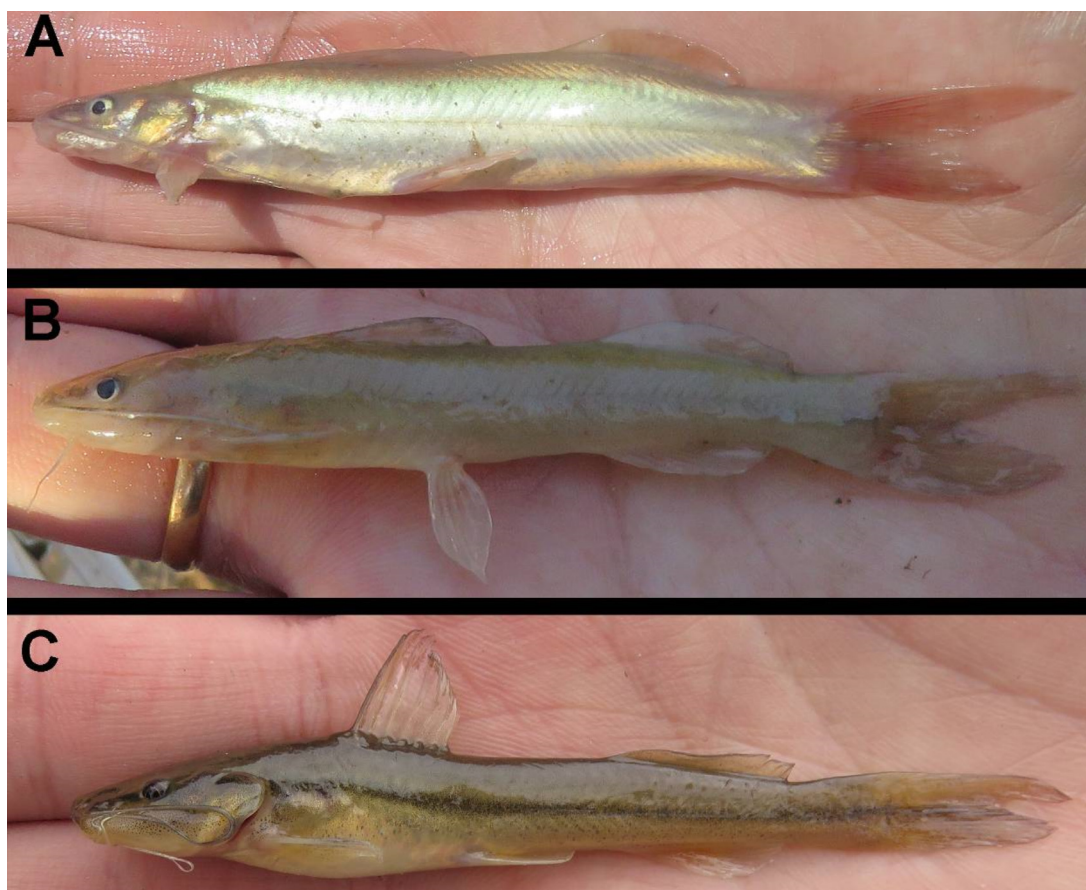


Fig. 2: *Rhamdella aymarae* coloración en vida. A: río Pilcomayo (CFA-IC-5110); B: del río Itiyuro (CFA-IC-5167) y C: del río Uruña (CFA-IC-5025). Longitud estándar 98,3 mm (A), 81,3 mm (B) y 69,8 mm (C).

longitud de la cabeza (11,5-17,3% para los ejemplares tipo), presenta seis radios branquiostegos, presencia de 15 radios caudales, piel con largas y delgadas papilas en la superficie del cuerpo, hocico con perfil recto, base de la aleta adiposa relativamente corta 23,6% (18,5-27,9% para los ejemplares tipo), lóbulo dorsal de la aleta caudal algo más largo que el lóbulo ventral (Miquelarena & Menni, 1999). La coloración del ejemplar, es bastante particular en relación a los ejemplares de *R. aymarae* registrados en las otras localidades, es relativamente homogénea, entre plateado y dorado con reflejos amarillentos y verdosos bajo luz intensa. La faja lateral no es visible. Área opercular dorada con reflejos iridiscentes. Barbas mentonianas blancas; barbas maxilares también claras pero con mayor concentración de melanóforos dorsalmente. Ventral blanco amarillento. Aletas translúcidas, pálidas, algo amarillentas. La caudal con tono levemente anaranjado y suave concentración de melanóforos oscuros

en los radios medios. El ejemplar fijado en formol y conservado en alcohol presenta una coloración homogénea blanquecina, con aletas translúcidas muy claras. La caudal más grisácea con mayor concentración de melanóforos oscuros en los radios medios. Melanóforos oscuros en la parte dorsal del opérculo y preopérculo que se continúan en una muy tenue y no fácilmente distinguible banda lateral. Aérea postcleitral a la altura de la línea media y extendida por debajo de ella, color oscuro.

Las barbillas maxilares en este ejemplar son algo más largas (52,6%) con respecto a la de los ejemplares medidos procedentes de la localidad tipo (40,1-46,9% para los ejemplares de la localidad tipo; Tabla 1).

El ejemplar CFA-IC-5110 fue colectado con una red de arrastre entre 1 y 1,50 metros de profundidad en el cauce principal del río Pilcomayo en cercanías de la Misión de la Merced en Santa Victoria, Chaco salteño.



Fig. 3: *Rhamdella aymarae* ejemplares fijados en formol. A y B: río Pilcomayo (CFA-IC-5110); C y D: del río Itiyuro (CFA-IC-5167) y E y F: del río Urueña (CFA-IC-5025). Longitud estándar 98,3 mm (A y B), 81,3 mm (B y C) y 69,8 mm (D y F).

Tabla 1: Información morfométrica de *Rhamdella aymarae* (n=9), incluyendo el Holotipo y un Paratipo de la especie.

	Pilcomayo		Urueña			Itiyuro			
		Min	Max	Media	Desvío	Min	Max	Media	Desvío
Longitud estándar	98,3	68,0	109,8			81,3	123,4		
Porcentajes respecto de longitud estándar									
Profundidad del cuerpo	16,9	11,2	12,3	11,9	0,4	13,2	15,0	14,5	0,8
Ancho del cuerpo	17,0	16,5	18,1	17,5	0,6	16,3	17,5	16,9	0,5
Distancia interorbital	6,8	6,3	7,1	6,7	0,3	5,8	6,5	6,3	0,3
Diámetro orbital	3,4	2,9	3,7	3,4	0,3	3,2	3,7	3,4	0,2
Profundidad de la cabeza	10,8	12,8	15,1	14,3	0,9	12,6	15,4	13,6	1,1
Distancia pre-pectoral	20,3	24,2	27,7	26,6	1,4	22,2	26,5	24,2	1,6
Distancia pre-dorsal	31,3	31,9	35,4	34,4	1,4	32,9	34,4	33,7	0,6
Distancia pre-pélvica	42,6	48,3	50,1	49,1	0,8	45,9	49,7	47,2	1,5
Distancia pre-anal	63,1	56,1	67,9	60,0	4,8	65,3	67,6	66,3	0,8
Distancia pre-adiposa	61,4	61,5	64,7	63,2	1,4	59,8	63,1	62,0	1,3
Largo de la espina pectoral	9,0	9,9	10,9	10,5	0,4	8,8	9,8	9,5	0,4
Largo de la espina dorsal	12,0	9,0	11,3	10,1	1,0	9,2	10,7	10,1	0,6
Largo de la base de la pélvica	15,0	15,0	16,0	15,5	0,3	14,8	15,7	15,3	0,4
Largo de la base de la dorsal	10,9	10,7	13,5	11,9	1,0	10,7	13,2	11,6	0,9
Largo de la base de la anal	12,0	11,3	14,3	13,1	1,2	13,0	15,3	14,1	1,1
Largo de la base de la adiposa	23,6	24,2	26,6	25,4	0,8	22,2	26,0	24,9	1,6
Longitud del pedúnculo caudal	19,0	15,5	18,1	16,6	1,0	15,4	19,6	18,0	1,7
Profundidad del pedúnculo caudal	11,1	8,3	9,4	8,6	0,4	8,6	9,4	9,1	0,3
Altura de la adiposa	3,2	2,3	3,7	2,8	0,6	2,7	3,0	2,8	0,2
Distancia dorsal-adiposa	18,1	15,1	18,3	16,7	1,4	16,5	19,8	17,7	1,3
Distancia entre urogenital y aleta anal	11,1	6,3	9,5	7,9	1,4	6,6	10,5	8,6	1,5
Largo de la cabeza	22,4	23,4	23,8	23,6	0,2	22,7	23,8	23,2	0,4
Longitud barbillas maxilares	52,6	42,6	45,7	44,3	1,3	40,1	46,9	44,7	2,7
Porcentajes respecto de longitud de la cabeza									
Distancia interorbital	30,5	14,2	30,4	24,6	6,2	25,8	56,9	34,4	13,0
Diámetro orbital	15,0	12,3	63,6	26,6	21,4	14,0	71,3	29,0	24,5
Profundidad de la cabeza	48,2	54,6	116,5	73,9	24,8	27,7	66,7	51,5	14,6
Ancho de la boca	43,6	39,5	42,6	41,7	1,3	37,9	41,9	39,3	1,6
Longitud del hocico	40,0	40,2	42,9	41,6	1,2	40,4	42,8	41,6	0,8
Longitud inter narinas	15,9	14,8	18,4	16,0	1,4	14,0	16,1	15,2	0,8
Ancho inter narinas	17,7	18,4	21,3	19,8	1,1	17,8	21,4	19,3	1,3

Análisis moleculares

Estos análisis permitieron identificar a todas las secuencias obtenidas para *Rhamdella aymarae* como un grupo monofilético robusto que no presenta grandes distancias genéticas (0,67%). Por otro lado, la incorporación de secuencias de otras especies de la familia Heptapteridae sugiere que el género *Rhamdella*

no es un grupo natural. Según la reconstrucción basada en COI (Fig. 4), las especies del género *Rhamdia*, algunas especies de *Pimelodella* y *Rhamdella zelimai* forman un grupo bien sustentado, mientras que *R. aymarae* es el grupo hermano de un clado compuesto por *Rhamdia*, algunas especies de *Pimelodella*, *R. zelimai* y *Goeldiella eques* (Müller & Troschel, 1849).

Tabla 2: Información merística de *Rhamdella aymarae* (n=9), incluyendo el Holotipo y un paratipo de la especie.

Datos merísticos	Pilcomayo	Urueña	Itiyuro
Radios aleta dorsal	I 6	I 6	I 6
Radios aletas pectorales	I 9	I 9 - I 10	I 9 - I 10
Radios aletas pélvicas	I 5	I 5	I 5
Radios aleta anal	vi 7	v 7 - vi 8	v 8 - vi 8

DISCUSIÓN

La combinación de caracteres morfológicos mencionados al igual que gran parte de las medidas, permiten confirmar que el material recientemente colectado en el río Pilcomayo en Salta y en el río Urueña, tanto en Salta como en Santiago del Estero pertenecen a la especie *Rhamdella aymarae* (véase Miquelarena & Menni, 1999; Bockmann & Miquelarena, 2008), sumado a esto los resultados genéticos aquí presentados corroboran la asignación específica propuesta para los ejemplares de las tres cuencas mencionadas.

La presencia de una delgada banda lateral oscura en el cuerpo ha sido considerado un carácter sinapomórfico del género *Rhamdella* y estaría presente en todas las especies del género a excepción de *R. rusbyi* (según Bockmann & Miquelarena, 2008; Reis et al., 2014). El ejemplar procedente del río Pilcomayo (Figs. 2A, 3A y 3B) y gran parte de los colectados en el río Itiyuro (Figs. 2B, 3C y 3D) no presentaban una banda notoria al momento de ser colectados y una muy tenue al ser fijados en formol. Esta condición fue reportada también para *R. zelimai* (Reis et al., 2014). En contraste, todos los ejemplares colectados en el río Urueña presentaron una banda bien notoria en vida la cual se mantuvo luego de fijados los ejemplares (Figs. 2C, 3E y 3F). Podría existir una correlación entre la intensidad de la banda lateral oscura y el nivel de turbidez del agua. En aquellos puntos de muestreo donde el agua era cristalina los ejemplares presentaron una banda muy notoria en vida, mientras que en aguas turbias presentaron bandas más tenues y difíciles de distinguir.

Rhamdella aymarae fue descrita para la cuenca arreica del río Itiyuro y se la consideró endémica (Bockmann & Miquelarena, 2008; Mirande & Aguilera, 2009). Esta cuenca arreica, conocida como Caraparí-Itiyuro, tiene su origen en las Quebradas de San Antonio y Saladillo en la República de Bolivia a unos 1.000 msnm (Gonzo, 2003). El primer tramo de esta cuenca presenta

un cauce muy variable dependiente del régimen pluvial y presenta una marcada pendiente con un sustrato rocoso. Luego el río Itiyuro pierde pendiente y entra a la región fitogeográfica del Chaco Seco, donde sigue su recorrido con sentido Sudeste por un cauce de contorno variable y con un lecho de fino sedimento hasta que finalmente el agua se infiltra íntegramente en el suelo chaqueño. Todos los registros conocidos de *R. aymarae* hasta el presente se restringen a un tramo del río muy puntual en inmediaciones de la Ruta Nacional 34 (Miquelarena & Menni, 1999). Si bien la cuenca del río Itiyuro es arreica, Miquelarena & Menni (1999) suponen que es posible que en un pasado reciente este río se comunicara con la cuenca del Pilcomayo y/o con la del río Bermejo. El registro de la especie en el río Pilcomayo y su muy pequeña distancia genética con los especímenes de la cuenca del Itiyuro es concordante en alguna medida con esta propuesta.

Gonzo (2003) menciona el registro de *Rhamdella aymarae* para el río Urueña en el límite provincial entre Salta y Tucumán. La presencia de dicha especie en otra cuenca arreica a más de 400 kilómetros al sur de la localidad tipo llevó a categorizarla como una especie de distribución disyunta (Gonzo et al., 2006). Si bien existen algunas diferencias morfométricas en algunos caracteres de estos ejemplares con respecto a los ejemplares de la cuenca tipo (véase Tabla 1), nuestra revisión general sumada a los resultados moleculares nos permiten corroborar la asignación de los ejemplares del Urueña a la especie a *R. aymarae*, confirmando además que esta especie está presente en dicha cuenca también en Santiago del Estero.

Las cabeceras del río Urueña se encuentran en un paisaje de yungas, pero la mayor parte de la cuenca se desarrolla en un ambiente de Chaco semiárido. Con un mayor régimen pluvial es factible que esta cuenca se pueda comunicar con la cuenca limítrofe Juramento-Salado (Cardoso & Bogan, 2015), pero normalmente in-

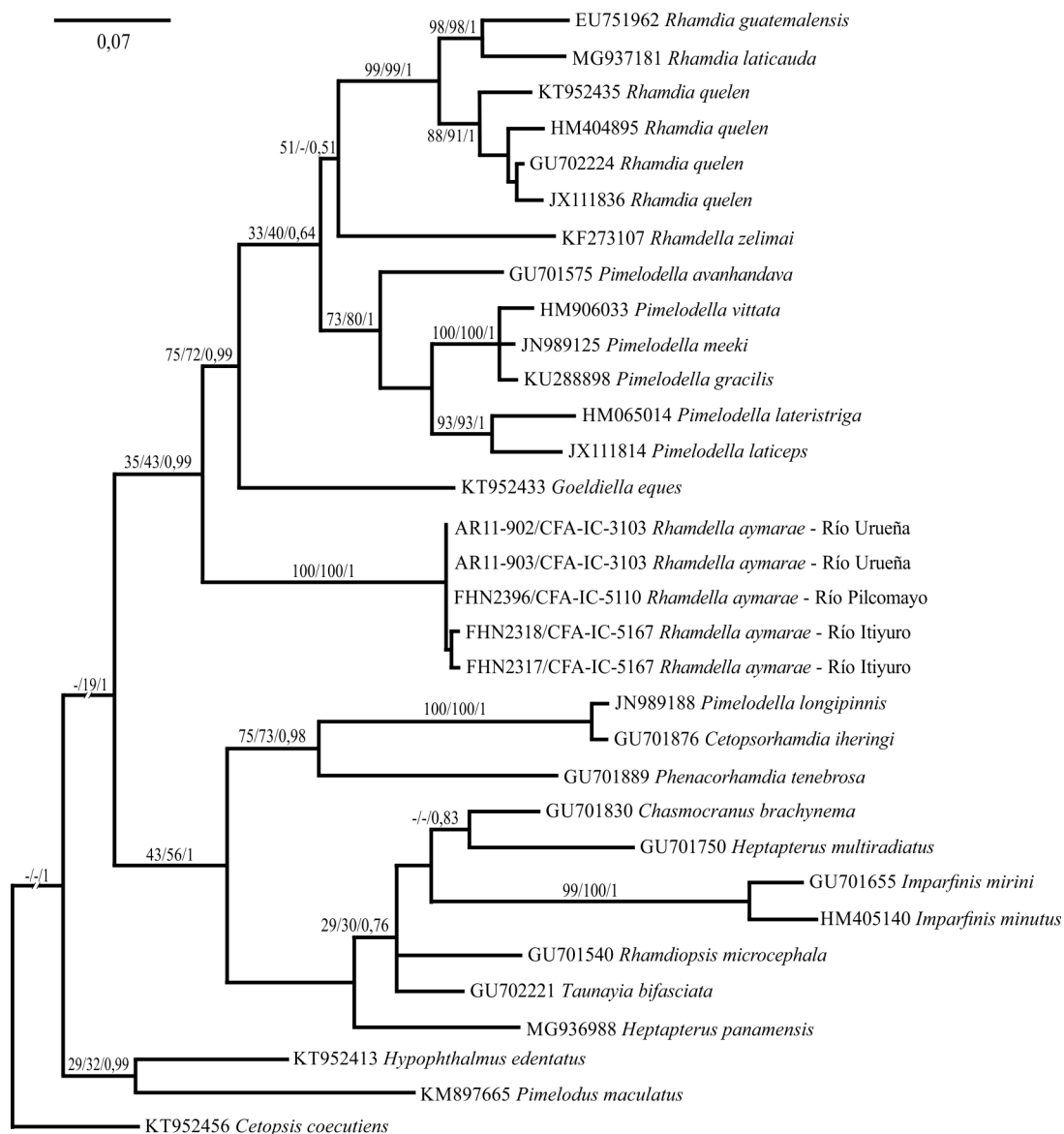


Fig. 4: Reconstrucción filogenética basada en el marcador mitocondrial COI para la familia Heptapteridae. Los números en las ramas son los valores de soporte encontrados con NJ/ML/IB.

gresa en el noroeste de la provincia de Santiago del Estero, en el departamento Pellegrini, donde discurre con rumbo sudeste antes de infiltrarse entre salitrales y bañados (Paoli *et al.*, 2011).

Fernández *et al.* (2014) mencionan la presencia de *R. aymarae* para la provincia de Jujuy, pero no citan ningún material ni localidad para la misma, por lo que desconocemos sobre qué base se fundamenta esta referencia.

El registro de *R. aymarae* para la cuenca del río Pilcomayo es el primer registro de la especie

para un río que actualmente está directamente conectado con la cuenca Del Plata. Este resultado deja abierta la posibilidad de encontrar a esta especie en nuevas localidades por medio de posibles dispersiones a través de esta cuenca.

Según la propuesta filogenética de Bockmann & Miquelarena (2008) *Rhamdella aymarae* y *R. rusbyi* conformarían el clado hermano a las restantes especies del género, compartiendo entre ellas tres sinapomorfias (suprapreopérculo bien desarrollado formando un túbulo osificado vi-

sible, presencia de seis rayos branquiostegos y cuerpo con 47 vértebras). Hasta el presente, *R. rusbyi* y *R. aymarae* son las especies que habitan ambientes bien al oeste con respecto al clado más derivado integrado por las especies del género distribuidas en los ríos Paraná y Uruguay y en los drenajes costeros del sur de Brasil, hacia el este de Sudamérica. A pesar de que nuestros datos moleculares están solamente basados en un marcador mitocondrial y que no tenemos secuencias de todas las especies del género *Rhamdella*, nuestra reconstrucción filogenética nos permite observar que las diferencias morfológicas mencionadas por Bockmann & Miquelarena (2008) podrían ser aún mayores implicando cambios taxonómicos importantes. Las especies *R. zelimai* y *R. aymarae* no se encontraron como especies hermanas como fuera esperable. Los géneros *Rhamdia* y *Pimelodella* conforman un grupo monofilético con *R. zelimai*, poniendo de este modo en duda la monofilia del género *Rhamdella*. Sin embargo, la falta de datos de la especie tipo (*R. eriarcha*) y de otras especies, por el momento no nos deja llegar a una conclusión definitiva. Nuestros resultados no son sorprendentes dado que el género *Rhamdella* ha sido por mucho tiempo un género muy difícil de definir a nivel taxonómico debido a la superposición de caracteres diagnósticos con otros Heptapteridae como *Rhamdia* y *Pimelodella* (Reis, 2014). Además, muchas especies asignadas a *Rhamdella* están consideradas actualmente como sinónimos junior de *Rhamdia* (Silfvergrip, 1996) y de *Pimelodella*. Otro punto interesante de nuestro resultado filogenético es la inclusión de *P. longipinnis* con otros géneros como *Phenacorhamdia* y *Cetopsorhamdia*, lo cual concuerda con la inestabilidad taxonómica reportada para esta especie (Bockmann & Miquelarena, 2008).

A pesar de que nuestros resultados filogenéticos son preliminares, son los primeros análisis moleculares que reúnen a un gran número de especies de la familia Heptapteridae y son en gran parte congruentes con los resultados presentados por Sullivan *et al.* (2013) quienes propusieron una hipótesis filogenética de la superfamilia Pimelodoidea con genes nucleares y mitocondriales.

CONCLUSIONES

Sobre la base de la información aquí tratada se concluye que *Rhamdella aymarae* presenta una distribución más amplia de lo que se conocía. Se cita por primera vez la presencia de esta

especie para la cuenca del río Pilcomayo y además se verifica la distribución en la provincia de Santiago del Estero. Adicionalmente, nuestros resultados filogenéticos sugieren que *Rhamdella* no sería monofilético y que la monofilia y relaciones de los géneros de Heptapteridae deben evaluarse a partir de una mayor cantidad de datos.

AGRADECIMIENTOS

Queremos agradecer a Ariel Paracampo, Juan I. Montoya-Burgos y Carlos Rivera por la ayuda en el trabajo de muestreo. A la Fundación de Historia Natural Félix de Azara y Universidad Maimónides por el apoyo brindado, en especial a Adrián Giacchino. Valeria Bauni nos prestó su valioso consejo con respecto al procesamiento de los datos morfométricos. Queremos agradecer al revisor Marcos Mirande por sus comentarios y sugerencias. Este trabajo fue posible gracias a la obtención de los subsidios PICT2014-0580 y a los fondos IBOL-CONICET.

BIBLIOGRAFÍA

- Aljanabi, S.M. & I. Martínez. 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic acids research* 25(22):4692-4693.
- Benítez, M.F., A.E. Almirón, J.R. Casciotta & M.M. Azpelicueta. 2016. First records of *Rhamdella longiuscula* from Argentina and new localities for *Rhamdella cainguae* (Siluriformes: Heptapteridae). *CheckList* 12(1/1844):1-5.
- Bockmann, F. 1994. Description of *Mastiglanis asopos*, a new pimelodid catfish from northern Brazil, with comments on phylogenetic relationships inside the subfamily Rhamdiinae (Siluriformes, Pimelodidae). *Proceedings of the Biological Society of Washington* 107:760-777.
- Bockmann, F.A. & M.A. Miquelarena. 2008. Anatomy and phylogenetic relationships of a new catfish species from northeastern Argentina with comments on the phylogenetic relationships of the genus *Rhamdella* Eigenmann and Eigenmann, 1888 (Siluriformes, Heptapteridae). *Zootaxa* 1780:1-45.
- Cardoso, Y.P. & S. Bogan. 2015. Ampliación de la distribución de *Trichomycterus barbouri* (Siluriformes, Trichomycteridae) para la Argentina. *Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales* 17(2):147-151.
- Eschmeyer, W.N., R. Fricke & R. van der Laan. 2015. *Catalog of fishes: genera, species, references*. California Academy of Sciences, San Francisco.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39:783-791.
- Fernández, L., D.O. Nadalin & H.L. López. 2014. Lista de los peces de la provincia de Jujuy. *ProBiota Serie*

- Técnica y Didáctica 25:1-10.
- Gonzo, M. 2003. Peces de los Ríos Bermejo, Juramento y Cuencas Endorreicas de la Provincia de Salta. Pp. 243, *Museo de Ciencias Naturales & Consejo de Investigación Universidad Nacional de Salta*.
- Gonzo, G., S.E. Barrios & M.E. Mosqueira. 2006. Ictiofauna de cuencas endorreicas en ambientes de Chaco semiárido, provincia de Salta, Argentina. *Aquatic* 25:8-15.
- Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Window 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41:95-98.
- Ivanova, N.V., T.S. Zemlak, R.H. Hanner & P.D. Hebert. 2007. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources* 7(4):544-548.
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16:111-120.
- Lundberg, J.G. & L. McDade. 1986. A redescription of the rare Venezuelan catfish *Brachyrhamdia imitator* Myers (Siluriformes: Pimelodidae) with phylogenetic evidence for a large intrafamilial lineage. *Academy of Natural Sciences of Philadelphia* 463:1-24.
- Miquelarena, A.M. & R.C. Menni. 1999. *Rhamdella aymarae*, a new species from the Itiyuro River, northern Argentina (Siluriformes, Pimelodidae). *Ichthyological Exploration of Freshwaters* 10(3):201-210.
- Mirande, J.M. & G. Aguilera. 2009. Los peces de la selva pedemontana del noroeste argentino. Selva Pedemontana de las Yungas. *Historia natural, ecología y manejo de un ecosistema en Peligro*. Pp. 169-211, Yerba Buena Tucumán: Ediciones del Subtrópico. <http://proyungas.org.ar/wpcontent/uploads/2014/12/SelvaPedemontanadelasYungas.pdf>.
- Paoli, H.P., H.J. Elena, M.J. Mosciaro, F.M. Ledesma & Y.E. Noé. 2011. Caracterización de las cuencas hídricas de las provincias de Salta y Jujuy. INTA. <http://inta.gob.ar/documentos/123>.
- Reis, R.E., L.R. Malabarba & C.A. de Lucena. 2014. A new species of *Rhamdella* Eigenmann & Eigenmann, 1888 (Siluriformes: Heptapteridae) from the coastal basins of Southern Brazil. *Arquivos de Zoologia* 45:41-50.
- Ronquist, F., M. Teslenko, P. van der Mark, D.L. Ayres, A. Darling, S. Höhna, B. Larget, L. Liu, M.A. Suchard & J.P. Huelsenbeck. 2012. MrBayes 3.2: efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology* 61:539-542.
- Silfvergrip, A.M.C. 1996. A Systematic Revision of the Neotropical Catfish Genus *Rhamdia* (Teleostei, Pimelodidae). Pp. 156, Stockholm University, Stockholm.
- Sullivan, J.P., J.M. Cunha & J.C. Lundberg. 2013. Phylogenetic relationships and molecular dating of the major groups of catfishes of the Neotropical superfamily Pimelodoidea (Teleostei, Siluriformes). *Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia* 162:89-110.
- Tamura, K., G. Stecher & S. Kumar. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33:1870-1874.

Doi: 10.22179/REVMACN.20.598

Recibido: 26-VII-2018
Aceptado: 30-XI-2018