

(Formerly MENDELIANA)



October 2021  
Volume XXXII  
No. 1 (suppl.)  
E-ISSN: 1852-6322

# BAG

**Journal of Basic  
& Applied Genetics**



**Journal of the Argentine Society of Genetics**  
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

[www.sag.org.ar/jbag](http://www.sag.org.ar/jbag)  
**Buenos Aires, Argentina**



# BAG

## Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXII – No. 1 (suppl.)

October 2021

Included in:



Cited by:



SCImago  
Journal & Country  
Rank



**GPE 13**

## **DEMOGRAPHY AND EVOLUTION OF *Sapajus libidinosus* FROM SERRA DA CAPIVARA NATIONAL PARK: FIRST FINDINGS**

Bueno Landau L.J.<sup>1</sup>, C. Cantele<sup>1</sup>, T. Lima<sup>1</sup>, B.S.O. Fam<sup>1</sup>, T. Falótico<sup>2</sup>, M.C. Bortolini<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biociências, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil;  
<sup>2</sup>Psychology, School of Arts, Sciences and Humanities, University of São Paulo, Brasil. lulandau94@gmail.com

*Sapajus libidinosus* individuals from Serra da Capivara National Park (SCNP), Caatinga biome, are known for their tool use for at least 3,000 years, indicating the existence of a local stable and adaptive culture. We sequenced the mtDNA gene CYTB of *S. libidinosus* individuals (N=30) from SCNP. We identified their phylogenetic relationship with other Platyrhini species using BEAST with nine calibration points based on fossil data. The population and demography histories were analyzed using the Median Joining Network, Bayesian Skyline Plot analyzes, and Tajima's D and Fu's Fs tests. We also genotyped ten microsatellite loci (Ceb03, Ceb8, Ceb09, Ceb11, Ceb115, Ceb119, Ceb120, Ceb121, Ceb128, Ceb130) already described for *Cebus capucinus* by other authors. The analysis of CYTB revealed that all the individuals appear in the phylogenetic tree in the expected position concerning other primates, closer to *Sapajus flavius*. We did not find hybrids with other *Sapajus* species, but due to the nature of the mtDNA, this phenomenon cannot be ruled out if there are asymmetric intercrosses. Other tests indicated a relatively recent expansion (>10,000 years ago) which coincides with the development of culture in SCNP and with the time in which the semi-arid climate in the Caatinga was established (6,000-2,000 years ago), suggesting that these events can be related. Our preliminary data for the microsatellites (N=5) indicated that all loci are polymorphic for this species. Our study provides the first account of the demographic history of *S. libidinosus* from SCNP and describes new microsatellites not yet reported for this species.

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

**GPE 14**

## **EVALUACIÓN DE LA UTILIDAD DE MARCADORES MICROSATÉLITES EN LA POBLACIÓN AVÍCOLA RUSTIPOLOS**

Castro Rojas L.A.<sup>1</sup>, E. Gayozo<sup>2</sup>, N. Méndez<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Departamento de Genética y Zootecnia, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Departamento de Recursos Faunísticos y Medio Natural, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. lcastro@vet.una.py

Los marcadores moleculares son una herramienta de gran utilidad para estudios de diversidad genética, que permite identificar poblaciones con características genéticas particulares, para así establecer programas de conservación y mejoramiento genético. El objetivo de este estudio fue evaluar el grado de información generada por un panel de 30 marcadores microsatélites en la población avícola Rustipollos. Se obtuvieron muestras de sangre de 50 individuos (27 machos y 23 hembras), la amplificación de fragmentos se realizó mediante PCR tiempo final, utilizando 30 microsatélites recomendados por la FAO-ISAG para estudios de biodiversidad en gallinas. La estimación de los tamaños de los fragmentos se realizó en secuenciador automático ABI Prism 377. Fueron determinados el número de alelos por locus y el Contenido de Información Polimórfica (PIC), mediante el programa Microsatellite-Toolkit. El número total de alelos reportado fue de 99±1,06, con un valor mínimo de dos y máximo de seis alelos por locus. La determinación del PIC registró un promedio de 0,60, con un rango de 0,18 a 0,76 en los marcadores MCW016 y ADL278, respectivamente. El 43% de los marcadores empleados resultaron altamente informativos para la población evaluada. En general, los marcadores microsatélites demostraron ser útiles para estudios genéticos en la población avícola Rustipollos.

CONACYT (Paraguay), Programa PROCIENCIA, FEEI.