

## **Filogenia, reloj molecular y biogeografía del clado Chelidae (Testudines, Pleurodira)**

### **Phylogeny, molecular clock and biogeography of the clade Chelidae (Testudines, Pleurodira)**

**Juan Alfredo Holley**<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Identificación Genética (IdeGen) - Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET), Blvd. Alte. Brown 2915, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

<sup>2</sup>Cátedra de Estadística, Facultad de Cs. Naturales y Cs. de la Salud, UNPSJB, sede Trelew, Inmigrantes 58, Trelew, Chubut, Argentina.

Director: Dr. Néstor G. Basso. Co-directora: Dra. Juliana Sterli

Carrera de Doctorado en Biología. Centro Regional Universitario Bariloche, Universidad Nacional del Comahue.

Tesis defendida el 6 de octubre de 2021 Número total de páginas: 166.

#### **Resumen**

El orden Testudines está integrado por dos subórdenes: Cryptodira, tortugas que retraen el cuello en un plano vertical, y Pleurodira, tortugas que retraen el cuello en un plano horizontal. A su vez, Pleurodira está integrado por dos clados: la hiperfamilia Pelomedusoides y el clado Chelidae. Este último es un grupo con distribución actual restringida al hemisferio Sur, con presencia en Sudamérica y Australasia (Australia y Nueva Guinea). Ambos grupos geográficos de Chelidae presentan dos morfotipos característicos: los quélidos de cuello largo y los quélidos de cuello corto.

Actualmente las relaciones evolutivas del clado Chelidae se encuentran en debate, ya que históricamente los análisis basados en datos morfológicos han producido topologías que agrupan a los quélidos de cuello largo (tanto sudamericanos como australasiáticos) en un clado, en tanto que los análisis basados en datos moleculares recuperan como grupos monofiléticos al clado sudamericano y al clado australasiático, ambos compuestos por géneros de cuello corto y géneros de cuello largo.

En el presente trabajo de tesis se planteó afrontar este conflicto desde una

perspectiva filogenética de evidencia total, integrando datos morfológicos y moleculares, incorporando a los análisis especies actuales y extintas, y complementando los mismos con un marco temporal a través de la estimación de tiempos de divergencia, así como la interpretación de toda la información en un contexto paleobiogeográfico, de modo de poder arribar a conclusiones integrales, soportadas por múltiples enfoques y fuentes de información.

A este efecto, se produjeron nuevas secuencias de ADN, nuevos caracteres morfológicos y se realizaron nuevas descripciones anatómicas, que sirvieron de base para dar cuenta de posibles fuentes de variación con potencial cladístico. Las secuencias de ADN y los datos morfológicos fueron integrados en matrices de datos preexistentes, que se analizaron individualmente y de manera combinada bajo diferentes métodos de inferencia filogenética y de estimación de tiempos de divergencia. Además, todos los resultados obtenidos en diferentes etapas de análisis, se evaluaron estadísticamente a fin de corroborar la robustez de las conclusiones resultantes.

Los resultados en el contexto de evidencia total sugieren que: **i)** se soporta la estructura del clado Chelidae como un grupo monofilético, integrado por un clado sudamericano y un clado

australasiático, el cual habría tenido su origen a mediados del Cretácico Temprano (123,2 millones de años antes del presente [maap]); **ii)** la presencia del grupo de quélidos sudamericanos extintos de cuello corto, en posición basal respecto del clado Chelidae y la mayor antigüedad del clado sudamericano (109,7 maap) respecto del australasiático (101,7 maap), sugieren que el grupo se habría originado en Sudamérica; **iii)** el cuello largo habría surgido independientemente en el clado sudamericano durante el Cretácico Tardío (93,2 maap) y en el clado australasiático a comienzos del Paleógeno (65,26 maap); **iv)** las diversificaciones más recientes que dieron origen a las especies que integran los géneros actuales, en ambos grupos geográficos, se habrían producido posteriormente a la ruptura final del sur de Gondwana (50—35 maap).