

Título: "Caracterización genética del puma (*puma concolor* Linnaeus 1771) en la estepa patagónica de la provincia de Neuquén, a través de marcadores moleculares mitocondriales "

Alumno/a: TINTORELLI, Ramiro Gastón

Director/a: Dra. Gabriela Fernández

Fecha de defensa: 29/03/2017

RESUMEN

El puma (*Puma concolor* Linnaeus 1771) es un predador generalista, con una dieta tan variada como los ambientes en los que habita. Se distribuye, prácticamente, en todo el continente americano, desde el norte de Canadá hasta el sur de Chile y Argentina (Estrecho de Magallanes), abarcando una amplia variedad de hábitats, que van desde climas desérticos hasta bosques tropicales lluviosos y bosques fríos de coníferas, y desde el nivel del mar hasta los 5800 mts de altitud en los Andes (Iriarte y Jaksic 2012). Su alimentación se compone principalmente de mamíferos de diversos tamaños medianos y grandes como ciervos, camélidos, roedores y de aves como gallinas y ñandúes (Iriarte y Jaksic 2012). En muchas regiones el puma es considerado peligroso o perjudicial por depredar animales domésticos y ha sido foco de una gran persecución. Este hecho sumado al desconocimiento respecto a diferentes aspectos de la genética y taxonomía de esta especie, así como la fragmentación y pérdida del hábitat natural, constituye una amenaza a su preservación como especie, principalmente a nivel local. A través del presente trabajo se propuso realizar la caracterización genética a partir de muestras de tejido de puma provenientes de la estepa patagónica de la provincia de Neuquén. Con esta finalidad se llevó a cabo el análisis de secuencias para dos fragmentos génicos correspondientes a los genes mitocondriales de la NADH deshidrogenasa subunidad 5 (ND5) y la Citocromo Oxidasa I (COI). Se realizó la extracción de ADN, y la amplificación por PCR y se obtuvo las secuencias de los fragmentos génicos de interés. El fragmento de COI (622 pb) no mostró polimorfismos entre las secuencias analizadas y cuando se lo comparó con las únicas secuencias reportadas en *GenBank* para muestras de Canadá sólo se encontró un único sitio variable. Por lo que COI resultó ser un fragmento muy poco informativo para estudios intraespecíficos. El fragmento ND5 (636 pb) tampoco mostró variabilidad entre las 18 muestras de Neuquén analizadas. Pero se la analizó en conjunto con 28 haplotipos reportados en *GenBank* y se observó su pertenencia al Hap18, típico encontrado en la Patagonia Sur. Los árboles filogenéticos obtenidos mediante las metodologías de máxima verosimilitud (ML), método del vecino más cercano (NJ) e inferencia

bayesiana, a partir del fragmento del gen ND5, fueron congruentes entre sí. En él se observó una clara división entre dos clados, uno conformado por los haplotipos de América del Norte y la mayoría de América Central y el otro compuesto por los pertenecientes a América del Sur. Luego se obtuvo una red haplotípica mostrando la distribución de los 28 haplotipos y el resultado concordó con el patrón observado en la topología del árbol. Sin embargo, dentro de cada región no se observó separaciones geográficas efectivas entre los clados a través de ninguna de las dos metodologías de análisis.