

Título: “Caracterización genética del puma (*Puma concolor* Linnaeus, 1771) en la Patagonia, a través de marcadores moleculares mitocondriales (ND5 y región control)”

Alumno/a: MAC ALLISTER Matias Exequiel

Director/a: Dra. Gabriela Fernández

Codirector/a: Lic. Carlos Ezequiel Figueroa

Fecha de defensa: 26/03/2019

RESUMEN

El puma (*Puma concolor*, Linnaeus 1771) es un predador generalista, considerado dentro de los grandes felinos y es uno de los mamíferos nativos con la mayor distribución geográfica en toda América, desde el norte de Canadá hasta el sur de Chile y Argentina (Estrecho de Magallanes), abarcando una amplia variedad de hábitats. En la actualidad el puma enfrenta dos amenazas principales: el conflicto con los criadores de animales domésticos y la fragmentación y pérdida del hábitat natural. Por otra parte, existe un desconocimiento respecto a diferentes aspectos de la genética y taxonomía de la especie. Por estas razones, y aunque la UICN lo cataloga como “Preocupación Menor” debido a su amplia distribución geográfica, existen situaciones particulares a nivel regional, siendo su grado de amenaza no debidamente evaluado hasta el presente, lo que conlleva un desafío para su conservación. A través del presente trabajo se propone caracterizar e identificar patrones de variabilidad genética en poblaciones de pumas de la Patagonia argentina mediante el uso de marcadores moleculares mitocondriales (ND5 y Región Control). Para el fragmento ND5 (623 pb) se analizaron 47 muestras pertenecientes a las poblaciones de puma del centro y Sur de Argentina. Se obtuvieron 5 sitios polimórficos y 3 haplotipos distintivos, de los cuales 2 fueron registrados, obteniéndose un Haplotipo no registrado hasta el momento. A partir del alineamiento de las 10 secuencias de Región Control (aproximadamente 620 pb) obtenidas se pudo observar la existencia de dos regiones bien diferenciadas. La primera corresponde a una región de secuencias repetitivas (SR) de 80 pb y la segunda a un segmento conservado (SC). El número de repeticiones del segmento de 80 pb vario entre los individuos analizados. Para analizar la variabilidad haplotípica de Región Control se utilizó secuencias de 130 pb del fragmento total que pertenece a una región conservada. Para las 10 muestras analizadas se observaron tres sitios polimórficos que dieron como resultado 2 haplotipos no registrados previamente. Los árboles obtenidos a partir de las metodologías de máxima verosimilitud (ML), método del vecino más cercano (NJ) e inferencia bayesiana, para el fragmento de 623pb del gen ND5, fueron congruentes entre sí y con el análisis de relaciones haplotípicas. Las secuencias analizadas para el set completo de muestras

convergen en tres haplotipos (ND_1, ND_2 y ND_3), los cuales se agrupan en el clado correspondiente a América del Sur. Si bien tanto el marcador ND5 como Región Control se mostraron informativos para estudios filogeográficos, para aumentar el grado de resolución en estudios poblacionales es necesaria la incorporación de marcadores moleculares más variables (con una mayor tasa de mutación) y aumentar los muestreos a través del área de distribución del puma.