

## ANÁLISIS GENÉTICO MOLECULAR DEL OSO ANDINO (*Tremarctos ornatus*) EN EL NORTE DE LOS ANDES (VENEZUELA, COLOMBIA, ECUADOR): UNA VISIÓN GLOBAL

RUIZ-GARCÍA, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Genética (Genética de Poblaciones-Biología Evolutiva).  
Departamento de Biología. Facultad de Ciencias.  
Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia.  
mruiz@javercol.javeriana.edu.co

Se analizaron 82 muestras de oso andino (*Tremarctos ornatus*) procedentes de 3 países latinoamericanos, Venezuela, Colombia y Ecuador, mediante 5 microsatélites hipervariables (G1A, G1D, G10B, G10C y G10X). Un exhaustivo análisis genético poblacional permitió determinar los siguientes aspectos fundamentales: (1) No existencia de equilibrio Hardy-Weinberg ni en el conjunto global de muestras ni en el conjunto particular de muestras para cada uno de esos países, al utilizar los tests exactos con cadenas de Markov y con el método de Fisher. Eso evidencia la existencia de efecto Wahlund, debido a la fuerte fragmentación de las poblaciones de osos en esos tres países. (2) Los niveles de variabilidad genética fueron bajos, en general, para este tipo de marcadores moleculares ( $H=0.38$  para la población total). Alarmantemente bajo fue el nivel de heterocigosidad en la población de Ecuador ( $H=0.24$ ), siendo el más bajo reportado para una población de osos y uno de los más bajos detectados para cualquier especie de mamífero analizado hasta la fecha. (3) La heterogeneidad genética entre las tres poblaciones fue elevada y significativa ( $F_{ST}=0.39$ ;  $R_{ST}=0.32-0.49$ ). Igualmente, los niveles de flujo génico resultaron bajísimos ( $N_m=0.2-0.3$ ). Eso muestra que las poblaciones estudiadas están totalmente desconectadas desde el punto de vista genético. Por lo tanto cada población se debe manejar como una unidad conservacionista diferente (Moritz, 1994). (4) Se aplicaron diferentes métodos para la determinación de los números efectivos en esas poblaciones. Los más importantes fueron a partir de los métodos de las heterocigosidades encontradas con los modelos mutacionales de los alelos infinitos y step-wise (Ohta & Kimura, 1973), el método de máxima verosimilitud de Griffith & Tavaré (1994), el método de máxima verosimilitud de Nielsen (1997), y los métodos de Chakraborty *et al.*, (1988) y Werhamn (1975). Los números efectivos promedios encontrados oscilaron de la siguiente forma: población total ( $N_e=19.000-24.000$  ejemplares), Venezuela ( $N_e=912-1129$  ejemplares), Colombia ( $N_e=3.605-6.897$  ejemplares) y Ecuador ( $N_e=778-2.778$  ejemplares). (5) Se analizó la posible existencia de estructura espacial significativa de los genotipos encontrados en todos los animales analizados mediante autocorrelación espacial uni y bidimensional, por el método kinship de Morton *et al.*, (1982) y Barbujani & Canella (1987), y por el método de aislamiento por distancia de Slatkin (1993). En todos los casos se observó una fuerte disposición al aislamiento por distancia, lo que hace sospechar que la actual estructura genética de esta especie se corresponde con el momento de colonización de Sudamérica. (6) La aplicación de la teoría de Cornuet & Luikart (1996), Luikart *et al.* (1998), para la detección de cuellos de botella recientes, no ofreció ningún resultado positivo, pero tampoco se pudo determinar ninguna expansión poblacional al aplicar el test  $k$  de la varianza intralocus y el test  $g$  de la varianza interlocus (Reich & Goldstein, 1998; Goldstein *et al.* 1999). Eso puede indicar que los bajos niveles de heterocigosidad, la ausencia de flujo génico y la fragmentación de las poblaciones pudo iniciarse a la llegada del hombre a las Américas (16.000-30.000 años) o, incluso, anteriormente (60.000-150.000 años), y no en épocas recientes.