

PARÁMETROS GENÉTICO POBLACIONALES EN SEIS ESPECIES DE FELIDAE NEOTROPICALES (*Leopardus tigrina*, *L. wiedii*, *L. pardalis*, *Herpailurus jagourowndi*, *Puma concolor* y *Panthera onca*).

RUIZ-GARCÍA, M.¹

¹Unidad 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 196 muestras pertenecientes a 68 *Leopardus pardalis* (Ocelote; Colombia, Perú), a 12 *L. wiedii* (Margay; Colombia y Bolivia), a 24 *L. tigrinus* (Tigrillo; Colombia), a 16 *Herpailurus jagourowndi* (yagourowndi; Colombia, Venezuela, Brasil) a 50 *Puma concolor* (Puma; Colombia, Perú, Bolivia) y a 24 *Panthera onca* (Jaguar; Colombia) con 6 marcadores microsatélites diferentes (FCA08, FCA43, FCA45, FCA90, FCA96 y FCA126). Los resultados y conclusiones más obvias fueron las siguientes: (1) Para la mayoría de esas especies no se dio equilibrio Hardy-Weinberg cuando se analizaron individuos de localidades diferentes por exceso de homocigotos. Probablemente, el efecto Wahlund es responsable de ese hecho. Algunos de los ejemplos más conspicuos se observan en los jaguares, donde las poblaciones del norte de Colombia y de la Amazonía colombiana son heterogéneas significativamente, en el caso de los ocelotes colombianos muestreados en tres zonas diferentes del país, o en el caso de los pumas de la costa Atlántica y los de la Amazonía colombiana y peruana, que, también, son heterogéneas genéticamente. (2) El análisis de cuellos de botella, utilizando la metodología teórica de Cornuet & Luikart (1996) y de Luikart & Cornuet (1998), mostró diversos tipos de casos. Los ocelotes colombianos mostraron la posibilidad de haber atravesado un cuello de botella reciente al utilizar un test de diferencias estandarizadas ($P=0.05$) y el test de Wilcoxon ($P=0.0156$). Al analizar individualmente la población de pumas de Colombia y la población global de pumas de Colombia, Perú y Bolivia, también, se detectó la posible existencia de un cuello de botella reciente, al menos para el modelo mutacional de los alelos infinitos (test de Wilcoxon, $P=0.0158$). Los test de expansión poblacional de Reich & Goldstein (1998) y de Goldstein *et al.*, (1999) detectaron signos de esta expansión en jaguares y ocelotes. (3) Los números efectivos y totales calculados para esas seis especies oscilaron de la siguiente forma (números totales): Las dos especies con poblaciones considerablemente más grandes fueron *L. pardalis* (192.000-670.000) y *L. wiedii* (192.000-720.000), seguidas de *L. tigrinus* (125.000-350.000), *Panthera onca* (118.000-306.000), *Puma concolor* (108.000-270.000) y finalmente el *H. jagourowndi* (60.000-108.000). Las estimas poblacionales de la UICN para ocelotes (800.000) y jaguares (400.000) concuerdan notablemente bien con aquellas obtenidas para los límites superiores a partir de los marcadores moleculares empleados. (4) Los análisis de regresión múltiple entre los valores de heterocigosis y número promedio de alelos respecto a 54 variables cuantitativas, cualitativas y binarias de naturaleza morfológica, fisiológica, ecológica, reproductiva y de parámetros demográficos reportados por UICN, mediante el método de Gower, mostraron unos coeficientes de determinación entre 79 y 99%, lo que indica que la variabilidad genética mediada a través de los microsatélites se correlaciona de forma muy intensa con la variación morfológica, ecológica y demográfica de esas especies, tornándose así en muy buenos predictores de naturaleza conservacionista.