

pasado. Se calculó también el asignamiento poblacional de los jaguares analizados, a las dos subespecies de jaguares presentes en Colombia mediante el método de verosimilitud y con el método basado en distancias con los procedimientos "as is" y "leave one out". Los valores de correcta asignación según los métodos oscilaron entre 64 y 100%. Los estadísticos F jerarquizados siguiendo a Michalakis & Excoffier (1996) mostraron elevados y positivos valores de FIS y FIT y valores significativos pero relativamente pequeños de FST. Las estimas de flujo génico oscilaron entre 3.09-12.13 para los métodos dependientes de FST y de 1.075 para el método de los alelos privados, los cuales pueden considerarse como elevados. Las estimas de números efectivos y totales a partir de las heterocigocidades, que fueron muy elevadas ($H=0.827-0.845$), usando IAM y SMM y a partir de simulaciones de coalescencia con el método de Griffiths & Tavaré (1994) ofrecieron, respectivamente, entre 12.195 a 27.315 jaguares y entre 26.612 a 39.017 jaguares en Colombia. No existieron evidencias de cuellos de botella, ni de expansiones poblacionales, al utilizar los métodos de Cornuet & Luikart (1996) y Garza & Williamson (2001), o los métodos de Reich & Goldstein (1998) (test de kurtosis intra locus k y test interlocus g). Mientras que los marcadores moleculares empleados llegan a distinguir dos animales en un número potencial de 4.22×10^{14} jaguares, un estudio craneométrico paralelo con 46 variables morfométricas no consiguió diferenciar los animales de origen *P. o. centralis* de los pertenecientes a *P. o. onca*.

ESTRUCTURA GENÉTICA Y SIMULACIONES DE MÁXIMA VEROSIMILITUD Y ESTADÍSTICA BAYESIANA APLICADA A LA CONSERVACIÓN GENÉTICA DEL OSO ANDINO (*Tremarctos ornatus*) EN VENEZUELA, COLOMBIA, ECUADOR Y BOLIVIA

RUIZ-GARCÍA, M.¹, OROZCO-TERWENGEL, P.¹, CASTELLANOS, A.², ARIAS, L.²

¹ Genética de Poblaciones, Biología Evolutiva, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana.

² Fundación Sobreviven, Quito, Ecuador. mruiz@javeriana.edu.co

Se analizaron 115 muestras de oso andino procedentes de Venezuela, Colombia, Ecuador y Bolivia mediante 5 microsátelites (G1A, G1D, G10B, G10C, G10M, G10P, G10X, UarMu 50, UarMu, 59). Se detectó: (1) No existencia de equilibrio Hardy-Weinberg en ninguna de las poblaciones analizadas en cada uno de los países, lo que evidencia la existencia de efecto Wahlund. (2) Los niveles de variabilidad genética fueron bajos ($H=0.40$, población total). Alarmantemente bajo fue el nivel de heterocigocidad en la población de Ecuador ($H=0.27$). (3) Los niveles de flujo génico resultaron bajísimos ($Nm=0.2-0.3$). (4) Los números efectivos calculados a partir de los métodos de máxima verosimilitud de Griffiths & Tavaré (1994), y de las heterocigocidades con los modelos IAM y SMM oscilaron de la siguiente forma: Población Total ($N_e=19.000-24.000$), Venezuela ($N_e=912-1129$), Colombia ($N_e=3.605-6.897$) y Ecuador ($N_e=778-2.778$). De forma paralela, se aplicó el modelo simulacional de O'Ryan *et al.*, (1998), lo que permitió tener estimas más precisas que las anteriores. La aplicación de los modelos bayesianos de Pritchard *et al.*, (2000) permitió distinguir cuantos acervos genéticos diferentes se encontraron en el interior de cada uno de los países. (5) Se analizó la posible existencia de estructura espacial mediante el método kinship, el método de aislamiento por distancia de Slatkin (1993) y autocorrelación espacial uni y bidimensional. En todos los casos se observó una fuerte disposición al aislamiento por distancia. Se obtuvieron algunas clinas significativas

que pueden indicar las rutas de migración de los osos en el momento de la colonización. (6) La aplicación de los métodos de Cornuet & Luikart (1996) y de Garza & Williamston (2001) ponen de relevancia la inexistencia de equilibrio en las poblaciones de oso andino, que no permite detectar la existencia de un cuello de botella reciente. Paralelamente, se aplicaron los tests para detectar expansión poblacional, k (kurtosis intralocus) y g (varianza interlocus), que no detectaron esa posibilidad en las poblaciones de osos analizados. Por último, la aplicación de la técnica MCMC de Beaumont (1999) mediante el contraste del $\log_{10}(q)$, $\log_{10}(r)$ y $\log_{10}(tf)$, si mostró la detección de una disminución poblacional importante en esta especie probablemente desde su origen.

ESTRUCTURA GENÉTICA Y RELACIONES FILOGENÉTICAS ENTRE DIFERENTES GRUPOS DEL GÉNERO *Ateles* (PRIMATES) MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES: CONCORDANCIA ENTRE LO MOLECULAR Y LO CRANEOMÉTRICO

RUIZ-GARCÍA, M., PARRA, A., ESCOBAR-ARMEL, P., ÁLVAREZ, D.
Genética de Poblaciones, Biología Evolutiva, Departamento de
Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana.
mruiz@javeriana.edu.co

Un total de 152 muestras de pelo y sangre de *Ateles* de 7 diferentes taxa fueron analizadas para 5 marcadores microsatélites (AP40, AP68, AP74, D5S117 y D8S165). Taxa analizadas: *Ateles belzebuth belzebuth* procedentes de Colombia, Ecuador y Perú, *Ateles fusciceps robustus* de Colombia, *Ateles paniscus chamek* de Bolivia, Brasil y Perú, *Ateles paniscus paniscus* procedentes de Brasil, *Ateles fusciceps fusciceps* de Ecuador, *Ateles hybridus* de Colombia y Venezuela, y, *Ateles geoffroyi frontatus* de Guatemala (obtenidas por Connie Stelle). Desde el punto de vista craneométrico se estudiaron 36 variables cuantitativas en todos los especímenes ubicados en la colección del Instituto Von Humboldt en Villa de Leyva. Agradecemos enfáticamente la colaboración de la responsable de la colección mastozoológica, Yaneth Muñoz-Saba para la medición craneométrica de esos animales. Los marcadores y especies que no estuvieron en equilibrio Hardy-Weinberg fueron *A. f. robustus* para AP74, D5S117 y D8S165 ($P=0.0000$, 0.0000 y 0.0030 , respectivamente), *A. b. belzebuth* para D8S165 ($P=0.0043$), y *A. paniscus chamek* para AP68 y D5S117 ($P=0.0178$ y 0.0047). De todas las taxas de *Ateles* analizadas la que presentó una variabilidad genética más elevada fue *A. f. robustus* ($H=0.76$), y *A. geoffroyi* ($H=0.58$) presentó una variabilidad genética inferior. De los 5 marcadores analizados, 4 presentaron una heterogeneidad genética significativa entre *A. f. robustus* y *A. p. chamek*, *A. b. belzebuth* y *A. geoffroyi* y *A. hybridus* y *A. p. chamek*. Por el contrario, entre *A. f. robustus* y *A. b. belzebuth* solo se encontró un marcador que presentó heterogeneidad significativa. El valor del flujo génico para el género analizado como una población total fue de 2.24 con el método de los alelos privados, lo cual sugiere que el aislamiento entre esos grupos ha sido muy reciente, o bien que se ha dado un cierto flujo génico en la naturaleza, lo cual abogaría en favor de la no existencia de especies absolutamente diferenciadas. A nivel filogenético molecular se detectaron 2 poblaciones diferente en el seno de *A. f. robustus*, una intensamente relacionada con *A. hybridus* y la otra con *A. geoffrensis*, lo cual coincidió con lo encontrado craneométricamente.