

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 taxa 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.