



VARIABILIDAD GENÉTICA DE ALOUATTA CARAYA EN SUDAMÉRICA.

Oklander, L.^{1,5}; Fernández, G.^{2,5}; Jerusalinsky, L.^{3,4}; Bonatto, S.⁵ y Corach, D.¹

1: Servicio de Huellas Digitales Genéticas. Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, Argentina. lulaok@gmail.com; 2: Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil; 3: IBAMA, CPB, Centro de Proteção de Primatas Brasileiros, João Pessoa, PB, Brasil; 4: Programa Macacos Urbanos, Departamento de Zoología, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil; 5: PUCRS, Centro de Biología Genômica e Molecular, Porto Alegre, RS, Brasil.

El mono aullador negro y dorado (*Alouatta caraya*) habita en varias provincias Argentinas, estados Brasileños, nordeste de Bolivia y Paraguay. Esta especie posee la distribución más austral entre todos los primates neotropicales. *A. caraya* es una especie que soporta niveles moderados de deforestación y contribuye en la regeneración y modelación de los bosques por ser dispersor de semillas, jugando un papel fundamental en el mantenimiento de los ambientes en los que habita. A pesar de estar descripta como una especie con bajo riesgo de extinción (CITES: Apéndice II), los monos carayá se consideran amenazados por el actual desmonte indiscriminado en el límite del sur de su rango geográfico. La variabilidad genética de los individuos de una especie es esencial para su supervivencia a largo plazo. Cuando se reduce la diversidad genética de una población disminuye su potencial evolutivo disminuye, es decir, se reduce su capacidad de responder ante futuros retos ambientales. Por este motivo es importante estudiar los niveles de variabilidad genética tanto en especies en peligro como especies que enfrentan una intensa fragmentación del hábitat, como es el caso de los aulladores. Se analizaron muestras provenientes de 5 estados de Brasil (RS n=3, MGS n=30 PR n=20, MG n=5, GO n=2), 2 provincias de Argentina (Corrientes n=10, Chaco n=10), Bolivia (n=5) y Paraguay (n=5) utilizando la diversidad genética de secuencias de ADN mitocondrial y de microsátelites autosómicos mediante los programas ARLEQUIN 3.11, MEGA 4.0 y STRUCTURE 2.2. Los resultados del AMOVA mostraron una diferenciación genética entre los sitios de muestreo ($F_{st}=0,07$, $p=0,000$). El análisis de distancia genética basada en una matriz pareada de F_{st} mostró diferencias significativas entre 4 grupos de sitios de muestreo. Estos 4 grupos serían: 1) Argentina-Paraguay-RS, 2) Bolivia-GO-MG 3) PR 4) MGS. Estos resultados fueron confirmados mediante el análisis de subestructuración genética llevados a cabo con STRUCTURE. Por otra parte el análisis de la Región Control del ADN mitocondrial permitió obtener resultados consistentes con la subestructuración geográfica obtenida mediante marcadores nucleares. Los resultados de este estudio aportan conocimientos sobre la filogeografía de *Alouatta caraya*, contribuyendo al esclarecimiento los procesos de radiación adaptativa en el continente Americano que determinan su actual distribución. Asimismo, contribuye al conocimiento de las características genéticas exclusivas de cada población, lo cual permitirá establecer zonas prioritarias para la conservación de esta especie.