

SESIÓN ORAL VI “EVOLUCIÓN Y GENÉTICA”

Análisis preliminar de la variabilidad génica de la comadreja overa (*Didelphis albiventris*, Didelphidae) en Argentina y países limítrofes

Chemisquy, M.A. (1), Fameli, A. (2), Martín, G.M. (3)

(1) Centro Regional de Investigaciones Científicas y de Transferencia Tecnológica (CRILAR) - CONICET, Anillaco, La Rioja. (2) División Mastozoología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia” - CONICET, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. (3) Centro de Investigación Esquel de Montaña y Estepa Patagónica – CONICET, Esquel.

amelych80@gmail.com

Didelphis albiventris se encuentra ampliamente distribuida en gran parte de América del Sur. En Argentina es una especie abundante y habita diversos ambientes, donde muestra una gran flexibilidad en cuanto al uso de ambientes, estando muy adaptada a ambientes alterados por el hombre. Nuestro objetivo es analizar la variabilidad génica de *D. albiventris* y los patrones filogeográficos de poblaciones argentinas y de países limítrofes. Se analizaron secuencias propias y del GenBank de COI y cytB de ejemplares de Argentina y otros países. Se utilizaron secuencias de otras especies de *Didelphis* para comparar las distancias génicas intra- e interespecíficas. Se obtuvieron redes de haplotipos y otros parámetros poblacionales. Ambos marcadores mostraron escasa variabilidad. Para el cytB la variabilidad intraespecífica es la menor de todas las especies analizadas, mientras que para el COI muestra valores bajos, pero que son menores en *D. aurita*. Ambos marcadores tuvieron diferentes regiones geográficas muestreadas: secuencias de Belo Horizonte y Rio Grande do Sul para el COI, y secuencias de Paraná (Brasil) y Bolivia para el cytB. Las redes de haplotipos mostraron en el cytB dos haplotipos para Buenos Aires (uno exclusivo de San Nicolás), mientras que las muestras de Misiones y del NOA presentaron un haplotipo respectivamente. Respecto al COI, cada ejemplar del NOA presentó un haplotipo único, uno de ellos compartido con ejemplares de Rio Grande do Sul y San Nicolás. Si bien el muestreo geográfico debe ser ampliado, los resultados preliminares muestran una escasa estructura poblacional, donde muestras ubicadas a más de mil kilómetros de distancia se ubican juntas o a muy pocos pasos mutacionales. Esto reflejaría una rápida expansión geográfica, probablemente debida a la colonización de nuevos ambientes propicios luego del último máximo glaciar. Dado que las muestras de Buenos Aires corresponden a regiones cercanas al límite de la distribución de la especie (norte/centro de Río Negro), la escasa diferenciación genética entre las muestras de esta región es esperable.