

GPE 53

### CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL PUMA (*Puma concolor*), EN EL CENTRO Y SUR DE ARGENTINA, A TRAVÉS DEL GEN MITOCONDRIAL ND5

Mac Allister M.E., V.D. Zelada Perrone<sup>1</sup>, C.E. Figueroa<sup>1,2</sup>, A. Travaini<sup>2,3</sup>, M.L. Merino<sup>4</sup>, G.P. Fernández<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Centro de BioInvestigaciones/CIT NOBA (UNNOBA), Argentina; <sup>2</sup>CONICET, Argentina; <sup>3</sup>Centro de Investigaciones Puerto Deseado (UNPA), Argentina; <sup>4</sup>CIC, Argentina. macallistermaty@gmail.com

El puma (*Puma concolor* Linnaeus 1771) es el predador tope más ampliamente distribuido en América. En la actualidad el puma enfrenta dos amenazas principales: el conflicto con la ganadería ovina y vacuna, y la fragmentación y pérdida del hábitat natural. Por otra parte, se desconocen diferentes aspectos de la genética y taxonomía de la especie. Por estas razones, y aunque la UICN lo cataloga como “Preocupación Menor” debido a su amplia distribución geográfica, existen situaciones particulares a nivel regional, estando su estado de conservación no debidamente evaluado. A través del presente trabajo se propone identificar y caracterizar patrones de variabilidad genética en poblaciones de pumas del centro y sur de la Argentina mediante el uso de marcadores moleculares mitocondriales. Con este fin fueron analizadas 47 muestras de individuos provenientes de las provincias de Neuquén (n=18), Santa Cruz (n=15), Chubut (n=1), Río Negro (n=1), Santa Fe (n=1) y Buenos Aires (n=11) para un fragmento de 750 pb del gen ND5. Se obtuvieron 3 haplotipos distintos, de los cuales uno no había sido registrado hasta el momento. Para los diferentes abordajes filogenéticos se utilizaron también secuencias de *P. concolor*, y otros felinos, tomadas del *Genbank*. Los resultados a nivel continental muestran una acentuada divergencia entre las poblaciones estudiadas y las del Centro y Norte de América. Se espera que estos resultados contribuyan con los métodos tradicionales, en la definición de las unidades taxonómicas, de conservación y manejo del puma en el extremo sur de su distribución geográfica.

GPE 54

### HISTORIA DEMOGRÁFICA DEL GUANACO DE LOS ÚLTIMOS 10.000 AÑOS, EN EL SUR DE MENDOZA

Abbona C.C.<sup>1</sup>, J. Johnson<sup>2</sup>, S. Wolverton<sup>2</sup>, G. Neme<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IDEVEA (CONICET-UTN, FRSR), Argentina; <sup>2</sup>Environmental Science, University of North Texas, USA. abbonacinthia@gmail.com

Según antecedentes zooarqueológicos hace 2.000 años atrás la población de guanacos disminuyó debido a la sobre explotación antrópica. El objetivo es estudiar la variación en el tamaño de la población del guanaco (*Lama guanicoe*) en el sur de Mendoza desde los últimos 10.000 años. Para ello, a fin de reconstruir la historia demográfica del guanaco se estudiaron 60 muestras provenientes de distintos sitios arqueológicos que datan de 10.000 a 100 años de antigüedad, y 19 muestras modernas. Las muestras antiguas fueron enriquecidas con el ADN mitocondrial usando MyBaits y secuenciadas por NGS (*Next Generation Sequencing*) en la plataforma de Illumina en un MiSeq. Los datos obtenidos fueron procesados con SeqPrep y dos pipelines (con Bowtie2 o MIA & MA), los fragmentos duplicados se eliminaron con Samtools. Los análisis se realizaron con el alineamiento de la región mitocondrial D-loop (1.217 bp) de muestras antiguas y modernas provenientes de la misma región. La reconstrucción demográfica se realizó con BEAST haciendo uso de la inferencia Bayesiana calibrada con la edad de cada muestra. En dichos análisis detectamos la disminución en el tamaño de la población desde 2.500 a 250 años antes del presente, el cual coincide con el registro arqueológico, y luego el tamaño poblacional se mantiene constante desde 250 años atrás al presente.