

Venado de las pampas: definir medidas de conservación apoyados en los datos que brindan sus moléculas

Por Vanina Raimondi y Patricia Mirol

Laboratorio de Herramientas Moleculares del Museo Argentino
de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia"

A PARTIR DE ABRIL DE 2008, en el marco de una beca doctoral otorgada por el CONICET, se comenzó a desarrollar el trabajo 'Genética aplicada a la conservación de especies amenazadas y su hábitat. Estudio del aguará guazú (*Chrysocyon brachyurus*) y del venado de las pampas (*Ozotoceros bezoarticus*) en dos humedales para la realización de un diagnóstico ambiental'. El mismo se lleva a cabo en el "Laboratorio de Herramientas Moleculares del Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia". Tiene por objetivo analizar el estado de variabilidad genética de esas dos especies de mamíferos amenazados para determinar la situación de conservación de las poblaciones, y proponer medidas de manejo y conservación de acuerdo a la información obtenida. La colaboración de los diferentes grupos de trabajo involucrados en el estudio y la conservación de estas especies es un punto focal para llevar adelante esta iniciativa. El primer desafío que se presenta al trabajar con cualquier especie en estado crítico de conservación es la obtención de muestras aptas para su análisis a partir de restos de individuos muertos o despojos orgánicos de los mismos, como por ejemplo astas, pelos, pieles, músculos secos, huesos o materia fecal. Es por ello que, para este trabajo en particular, se llevó a cabo un muestreo no invasivo de la especie. Se contactó tanto a investigadores y especialistas como a pobladores rurales, con el fin de establecer relaciones de cooperación e intercambio de materiales, información y resultados. Actualmente, se cuenta con muestras de 134 individuos de las provincias de Santa Fe, Corrientes y Buenos Aires. Algunas de las mismas representan animales recientes, es decir de los últimos años, mientras que otras fueron recolectadas a partir de individuos que vivieron a principios del siglo pasado.

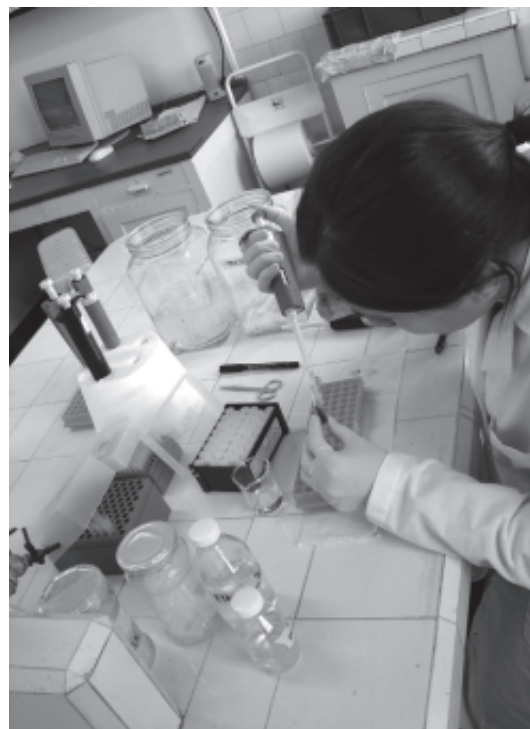
Este proyecto se sustenta en los conocimientos desarrollados por la genética de la conservación. Esta disciplina utiliza herramientas

conceptos provenientes de la genética y los aplica para dilucidar problemas de conservación de las especies. En los últimos años, se vio muy favorecida por el desarrollo de tecnologías de análisis moleculares al punto de hacer posible la extracción de ADN de una amplia variedad de fuentes. De esta forma, aprovechando la gama de posibilidades que los avances tecnológicos nos brindan, fue posible desarrollar y poner a punto para este proyecto protocolos tan diversos como los tipos de tejidos conseguidos, utilizando simples compuestos químicos disponibles en el laboratorio.

El mayor de los retos que se presentan es obtener la secuencia de un fragmento determinado de un gen (marcador molecular). Es decir, acceder a los datos que permitan realizar la lectura de la disposición de las bases nitrogenadas que componen el fragmento de ADN amplificado: A (adenina), G (guanina), C (citosina), T (timina), para así luego comparar cada secuencia obtenida. Esta actividad se realiza por medio de PCR (Reacción en cadena de la Polimerasa), técnica que también trajo aparejada la tarea de ponerla a punto, ya que, para cada especie en particular varían las condiciones de reacción implícitas en ella.

Los primeros datos obtenidos, interpretados a través de árboles filogenéticos, permiten identificar diferencias y similitudes entre cada población estudiada. En principio, se puede observar que existe segregación a nivel genético de las poblaciones, establecida fundamentalmente por la separación entre las secuencias de las poblaciones de Santa Fe y Corrientes con respecto a las de Buenos Aires. Estos resultados concordarían con la determinación de las subespecies *Ozotoceros bezoarticus leucogaster* y *Ozotoceros bezoarticus celer* que realizó Ángel Cabrera en 1943 en función de las diferencias fenotípicas (morfológicas) que encontró al examinar a las mismas poblaciones.

Ahora que ya se dieron los primeros pasos en el proyecto, y habiendo obtenido resultados que aseguran poder



dar continuidad a las actividades emprendidas, se prevé la obtención de una mayor cantidad de muestras provenientes de visitas a museos y de recorridos a campo, y concluir con el análisis molecular de todas ellas. Al ampliar el tamaño de las muestras recientes y antiguas se conseguirán buenas estimaciones de cuellos de botella poblacionales y eventos históricos que acontecieron en las poblaciones. Asimismo, se espera comparar a las poblaciones de la subespecie *O. b. leucogaster* (poblaciones de Santa Fe y Corrientes) que se encuentran separadas geográficamente por el Río Paraná.

Además, se efectuará la aplicación de otros marcadores moleculares, algunos ya estudiados en poblaciones de la especie en países vecinos. Esto, nos permitirá conocer sucesos actuales a nivel local.

Finalmente, cuando se haya concluido con esta etapa de trabajo en el laboratorio, por medio de diferentes programas estadísticos, podremos conocer la historia evolutiva de las poblaciones estudiadas, fenómenos de expansión o retracción poblacional, efectos de la deriva génica, sus estados de conservación y posibles amenazas ●