Filogeografía y paleodistribución de la especie de abeja endémica de patagonia *Centris cineraria* (Apidae, Centridini)

Sosa Pivatto M., Camps G.A., Sérsic A.N., Cosacov A.

Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral, IMBIV (UNC-CONICET)

El levantamiento de los Andes y los cambios climáticos del Cuaternario tuvieron una gran influencia en la biogeografía de Patagonia ya que afectaron el área de distribución de los organismos, generaron extinciones locales/expansiones y modificaron los regímenes selectivos, dejando una impronta en sus atributos genéticos. El enfoque filogeográfico permite inferir estos procesos históricos y el modelado del nicho ecológico (MNE) constituye una aproximación complementaria, ya que reconstruye la distribución potencial de los organismos en escenarios climáticos pasados.

En la Estepa patagónica, región pobre en insectos voladores, se distribuye *Centris cineraria*, una especie de abejas colectoras de aceites. En muchos casos se trata del único o principal polinizador de numerosas familias de angiospermas a las que visita en busca de néctar, polen y aceites. Para los análisis filogeográficos se incluyeron individuos de 71 localidades y se amplificaron las regiones Citocromo b (Cit b) del ADNm, Rodopsina (Opsin) y Factor de elongación (EF-1 α) del ADNn. En general se utilizó inferencia bayesiana y análisis uni y multilocus. Para realizar los MNE se utilizaron 86 puntos de ocurrencia, variables bioclimáticas de WorldClim y diferentes algoritmos (Bioclim, Domain, GLM, MaxEnt y SVM).

A partir de la matriz del Cit b, construída con 130 secuencias no heteroplásmicas se obtuvieron 23 haplotipos. En la red se observan dos haplotipos ampliamente distribuidos uno en las localidades al Este de la cordillera y otro en las localidades al Oeste de la misma. El análisis demográfico a partir del Cit b evidenció señal de expansión alrededor de 20.000 años atrás coincidente con el final del Último Máximo Glaciar (UMG). Los análisis de estructuración poblacional evidencian principalmente dos poblaciones genéticas, al Este y al Oeste de los Andes. Las dataciones realizadas a nivel multilocus estimaron la edad del ancestro común más reciente alrededor de 1,14 ma. Para los tres marcadores, las áreas con alta diversidad genética y haplotipos únicos coinciden con áreas postuladas como refugios glaciarios en otras especies de Patagonia. Los análisis de difusión espacial mostraron que en la Estepa habrían ocurrido expansiones del área de distribución tanto en periodos fríos como cálidos, aunque en ningún período frío fueron hacia el Oeste. La paleodistribución de *C. cineraria* para el UMG sugiere áreas ambientalmente idóneas hacia el Este de la Estepa en zonas que durante el Pleistoceno estuvieron expuestas por el corrimiento de la línea de costa. Además, otros resultados obtenidos en los MNE respaldan la evidencia molecular.