

Diversidad genética, estructura de población y flujo génico de puma (*Puma concolor*) en Argentina

Gallo, O.(1), Castillo, D.F.(1), Godinho, R.(2), Casanave, E.B.(1)

(1) Laboratorio de Genética para la Conservación (GENCON), Instituto de Ciencias Biológicas y Biomédicas del Sur (INBIOSUR)-CONICET, Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur. (2) Centro de Investigaçã em Biodiversidade e Recursos Genéticos (CIBIO-InBIO), Universidade do Porto. gallo.ori@gmail.com

El conocimiento de los límites de las poblaciones, su variabilidad genética y el movimiento de individuos entre las mismas representa un aspecto importante para la conservación de las especies silvestres. En ese marco, el objetivo general de este trabajo fue analizar la distribución de la diversidad genética del puma en Argentina, identificando grupos de individuos genéticamente distintos y describiendo su patrón de conectividad. Se amplificaron 25 *loci* de microsatélites de 199 individuos obtenidos a partir de muestras recolectadas durante el período 1925-2018 con amplia cobertura en el territorio argentino. Los análisis de agrupación bayesiana y discriminante de componentes principales sugieren la separación de los pumas en 4 grupos: 1 (Jujuy, Salta, Tucumán, Santiago del Estero, Santa Fe, Córdoba, San Luís, Mendoza, Río Negro), 2 (desde SE de Mendoza hasta NE de Chubut), 3 (Mendoza, Neuquén y Chubut) y 4 (SO de Chubut y Santa Cruz). La diversidad genética general resultó ser moderada (heterocigosidad esperada $He=0,712$), siendo el grupo 4 el de menor ($He=0,566$) y el 1 el de mayor variabilidad ($He=0,744$). El flujo de genes entre las poblaciones resultó ser limitado y variable (0,6-7,3% por generación), soportando la agrupación definida anteriormente. Los resultados obtenidos evidencian una estructuración genética bastante homogénea de los pumas del norte y centro del país, mientras que se observa una mayor diversificación en el área sur, en donde se distribuyen tres de las poblaciones definidas. Entre ellas, la población 4 queda casi completamente aislada con una tasa de inmigración de sólo 0,6-1%. Trabajos futuros deberían direccionarse a investigar aspectos demográficos de estas poblaciones, y a identificar los factores que limitan su conectividad, para de esta manera generar planes que posibiliten garantizar la viabilidad de las mismas y la conservación de la especie.

Financiado por: PICT 2015-2283, ANPCyT; PIP 2014-2016 11220130100060CO01, CONICET; PGI 24/B243, SGCyT-UNS; SAREM: Subsidio visita a colecciones; CIBIO/InBIO: fondos privados.