



Mastozoología Neotropical

ISSN: 0327-9383

ulyses@cenpat.edu.ar

Sociedad Argentina para el Estudio de los
Mamíferos
Argentina

Ortiz, Natalia

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE OLIGORYZOMYS LONGICAUDATUS (RODENTIA,
CRICETIDAE) EN LA PROVINCIA DE CHUBUT

Mastozoología Neotropical, vol. 19, núm. 1, enero-junio, 2012

Sociedad Argentina para el Estudio de los Mamíferos

Tucumán, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=45723408031>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

RESÚMENES DE TESIS

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Oligoryzomys longicaudatus* (RODENTIA, CRICETIDAE) EN LA PROVINCIA DE CHUBUT

Tesis de **Licenciatura** (29 pp.) defendida el **19 de Septiembre de 2011** por NATALIA ORTIZ <Natalia_ortiz05@hotmail.com>. Lugar: Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. Director: Raúl E. González-Iltig. Miembros del tribunal: Marina B. Chiapero, Noemí C. Gardenal y Norma B. Julio.

La distribución no al azar en espacio y tiempo de la variación genética es referida como la estructura genética de una población. Los factores que la determinan son de gran importancia cuando se consideran especies de interés sanitario, ya que permiten evaluar el grado de contacto de sus poblaciones y, en el caso de transmitir virosis, estimar el nivel de riesgo de dispersión del virus entre los hospedadores. El roedor *Oligoryzomys longicaudatus* (Cricetidae, Sigmodontinae) o “ratón colilargo”, constituye un claro ejemplo por ser el reservorio natural del hantavirus genotipo Andes, agente etiológico del Síndrome Pulmonar por Hantavirus (HPS). Esta especie, además de presentar elevadas tasas de dispersión, experimenta aumentos explosivos en su densidad denominados “ratadas” que se repiten cíclicamente. Como consecuencia, ocurren invasiones de lugares con asentamientos humanos, aumentando la probabilidad de infección con el hantavirus Andes. Como aporte a los estudios sobre el mantenimiento y dispersión de hantavirus en la Patagonia argentina, se analizó la estructura genética poblacional de *O. longicaudatus* en la provincia de Chubut. Para ello se realizaron dos muestreos temporales en tres sitios: El Blanco (2007 n=10; 2008 n=5), Villa Lago Rivadavia (2007 n=10; 2008 n=4), valles pertenecientes a la localidad de Cholila, correspondientes a la región fitogeográfica de los Bosques Andino-Patagónicos, y Leleque (2007 n=9; 2009 n=11), localidad ubicada

en la Estepa Patagónica. La extracción de ADN de cada individuo se realizó a partir de punta de cola y se amplificaron por PCR 8 loci de microsatélites. A nivel espacial la diferenciación genética entre regiones fitogeográficas y entre localidades resultó no significativa; además, no se detectó un patrón de aislamiento por distancia, indicando falta de equilibrio entre flujo génico y deriva genética. El flujo génico resultó elevado entre valles (El Blanco y Villa Lago Rivadavia) y moderado entre cada uno de ellos y Leleque, confirmando que la precordillera no constituye una barrera física efectiva para la especie y que en las poblaciones analizadas el flujo génico predomina sobre la deriva genética. A nivel temporal se encontraron diferencias significativas entre las muestras de El Blanco y Villa Lago Rivadavia, ya que la composición genética de ambas poblaciones varió significativamente entre 2007 y 2008. Asimismo, los valles cordilleranos sufrieron una gran reducción en su tamaño efectivo entre los años 2007 y 2008, posiblemente asociada a la sequía que afectó a Cholila durante el verano del 2008. Es probable que estas poblaciones de *O. longicaudatus* hayan sufrido fluctuaciones de densidad y altas tasas de recambio en el ambiente altamente cambiante en ese período. Leleque, por el contrario, fue la localidad de composición genética más homogénea entre temporadas (su composición genética no varió significativamente entre 2007 y 2009), posiblemente debido a cierta estabilidad ambiental a pesar de la erupción del volcán Chaitén en el año 2008. La cercanía de los valles cordilleranos al volcán, podría haber favorecido la migración desde poblaciones vecinas hacia Leleque, aumentando su variabilidad genética y, por ende, su tamaño efectivo poblacional. En síntesis, no se detectó una estructuración geográfica importante debido a que los niveles de flujo génico son lo suficientemente elevados para impedir una diferenciación entre poblaciones. En cambio, a nivel temporal se detectaron diferencias importantes en los valles cordilleranos debido a la inestabilidad ambiental combinada con altos niveles de migración.