

EL OSO ANDINO, EVOLUCION Y CONSERVACION: UNA SORPRENDENTE HISTORIA CONTENIDA EN SUS GENES.....



Manuel Ruiz-Garcia

GRUPO DE GENETICA DE POBLACIONES
MOLECULAR Y BIOLOGIA EVOLUTIVA
Departamento de Biología /Facultad de Ciencias
Pontificia Universidad Javeriana
BOGOTA. COLOMBIA
mruiz@javeriana.edu.co

Oso andino (*Tremarctos ornatus*)

- Distribución geográfica



- Posición trófica
- Cosmovisión indígena



Genética de Poblaciones

- 1960s
- Variabilidad genética molecular
- Estructura poblacional

“La determinación de esos dos aspectos permite identificar fenómenos evolutivos que esculpen las características genéticas de las especies en consideración”



- Muestras invasivas para proteínas
- 80's PCR, muestras no-invasivas
 - Estudio de nuevas especies
 - Muestras antes no empleadas

“ con esa información podemos reconstruir muchos parámetros demográficos, evolutivos y genéticos que nos permiten vislumbrar cuál es el estado de conservación de ese organismo y qué es lo que se deber hacer para aumentar al máximo las probabilidades de supervivencia”

En el caso Oso Andino.....



- Muestras difíciles
- Distribución geográfica en América Latina
- “poca tecnología”.....PERO:

Ruiz-García, M. 2003. Molecular population genetic analysis of the spectacled bear (*Tremarctos ornatus*) in the Northern Andean Area. *Hereditas* 138 :81-93.

Ruiz-García, M., et al., 2003. Genética de Poblaciones molecular aplicada al estudio de dos grandes carnívoros (*Tremarctos ornatus* – Oso andino, *Panthera onca*- jaguar): lecciones de conservación. *Bol. Real Soc. Esp. Hist. Nat* 98: (1-4): 135-158.

Ruiz-García, et al., 2005. Microsatellite analysis of the spectacled bear (*Tremarctos ornatus*) across its range distribution. *Genes and Genetics Systems* 80: 57-69.

Ruiz-García, M. 2007. Genética de Poblaciones: teoría y aplicación a la conservación de mamíferos neotropicales (oso andino y delfin rosado). *Bol. Real Soc. Esp. Hist. Nat* 102 (1-4): 105-132.



**¿qué aportan esos
resultados moleculares a la
comprensión de la dinámica
poblacional, la evolución y
la conservación del Oso
Andino?**



LO QUE YA SABEMOS

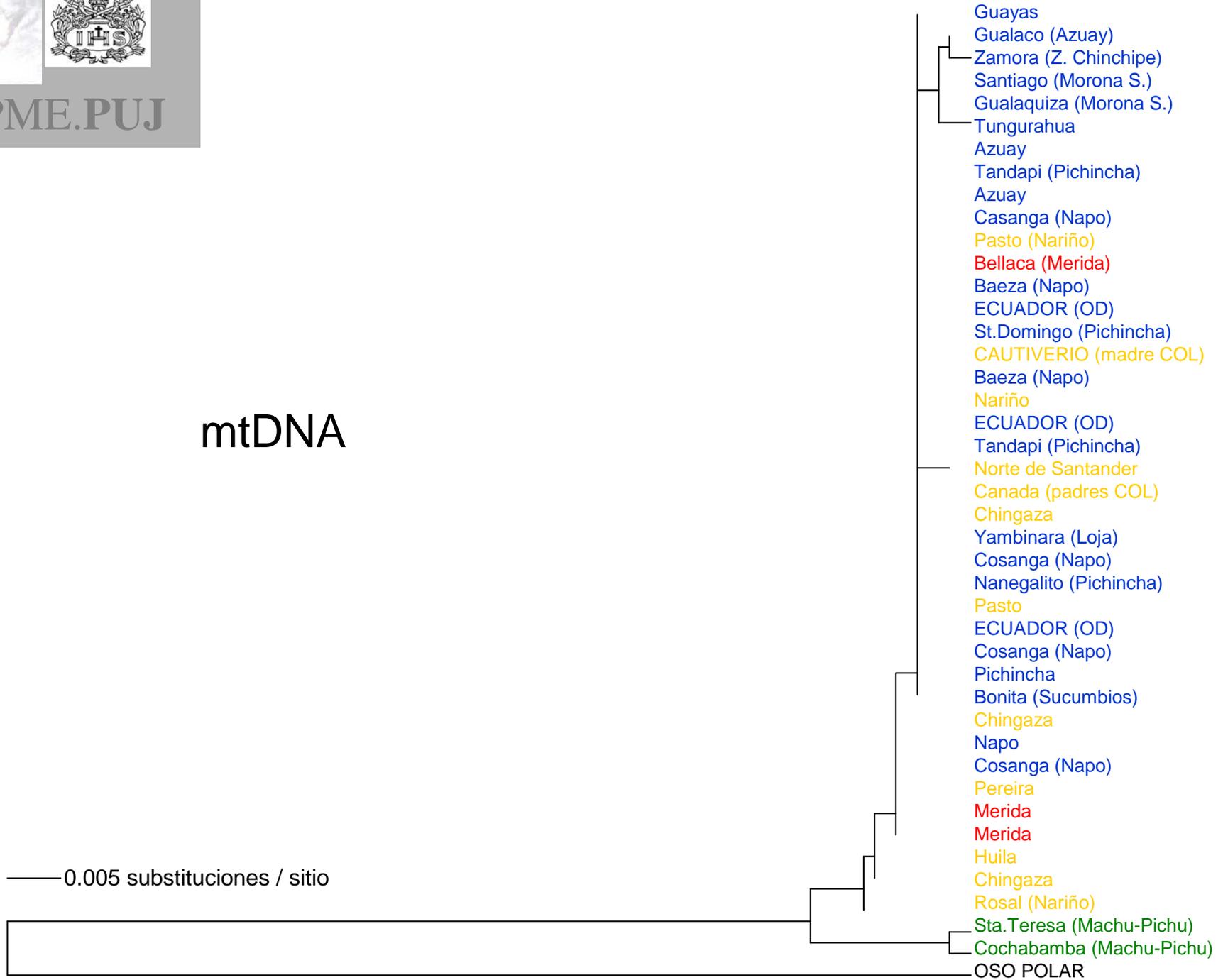
- Analizando 9 microsátélites en 300 individuos de varios orígenes geográficos
 - Alelos privados que discriminan poblaciones
 - Exceso de homocigotos
 - En particular Ecuador: subdivisión o endogamia?

- Heterocigocidad esperada = 0.4-0.5
 - Venezuela con $H >$
 - Comparando....
 - osos negros y osos pardos en Norteamérica y Escandinavia = 0.61 - 0.78
 - jaguares = 0.85
 - ocelotes = 0.90
 - margays = 0.85
 - pumas = 0.75
- mtDNA = variabilidad escasa
 - Variantes en Peru (Cuzco)



mtDNA

— 0.005 substitutions / sitio



- Heterogeneidad mayor en microsatélites que en mtDNA
 - Con 3 μ sats. $F_{ST} = 0.37$
 - Aumentando N $F_{ST} = 0.18$
 - Los marcadores diferencian las poblaciones son G10B y G10X

“Este es un indicio esencial para empezar a comprender que las poblaciones de osos están fuertemente desconectadas unas de otras desde una perspectiva genética”

- Flujo génico bajo; $Nm = 0.2-0.6$

“... las poblaciones de osos estaban aisladas genéticamente y la distancia geográfica entre las poblaciones podría ser un factor decisivo en el aislamiento entre ellas...”



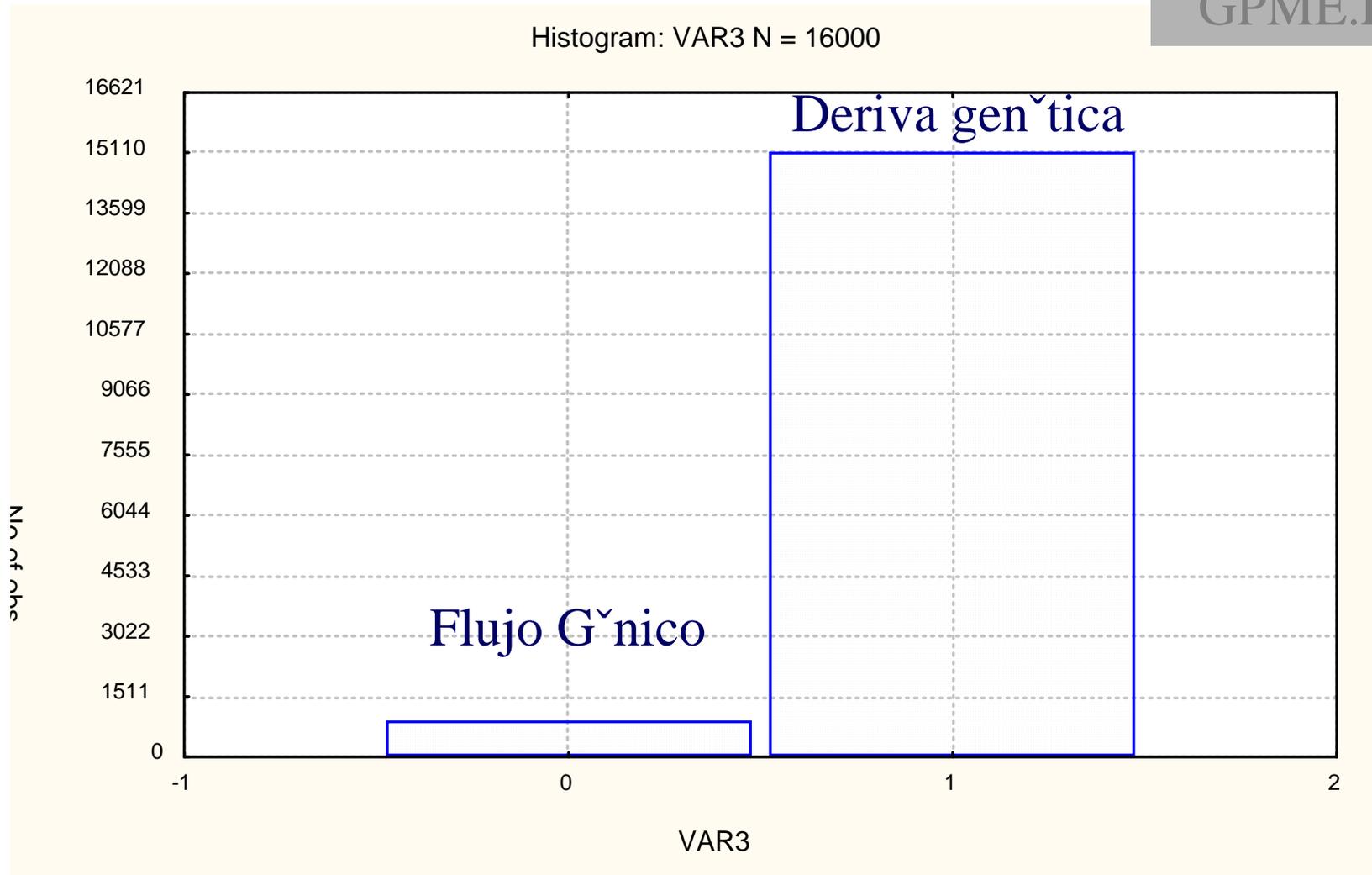
- **Análisis espaciales** (autocorrelación espacial, AIDA, test de aislamiento por distancia de Slatkin 1993, estadística circular, test de Mantel entre matrices de distancias genéticas y geográficas)

- Aislamiento por distancia = la distancia geográfica explicó el 93.4 % de la variación del coeficiente de parentesco entre las poblaciones de osos de Venezuela, Colombia y Ecuador
- Muestra de osos en Antioquia tiene estructura microgeográfica

“Eso denota que el movimiento de los genes de los osos es muy limitado en el espacio”

Deriva genética

OSO ANDINO: simulacion I

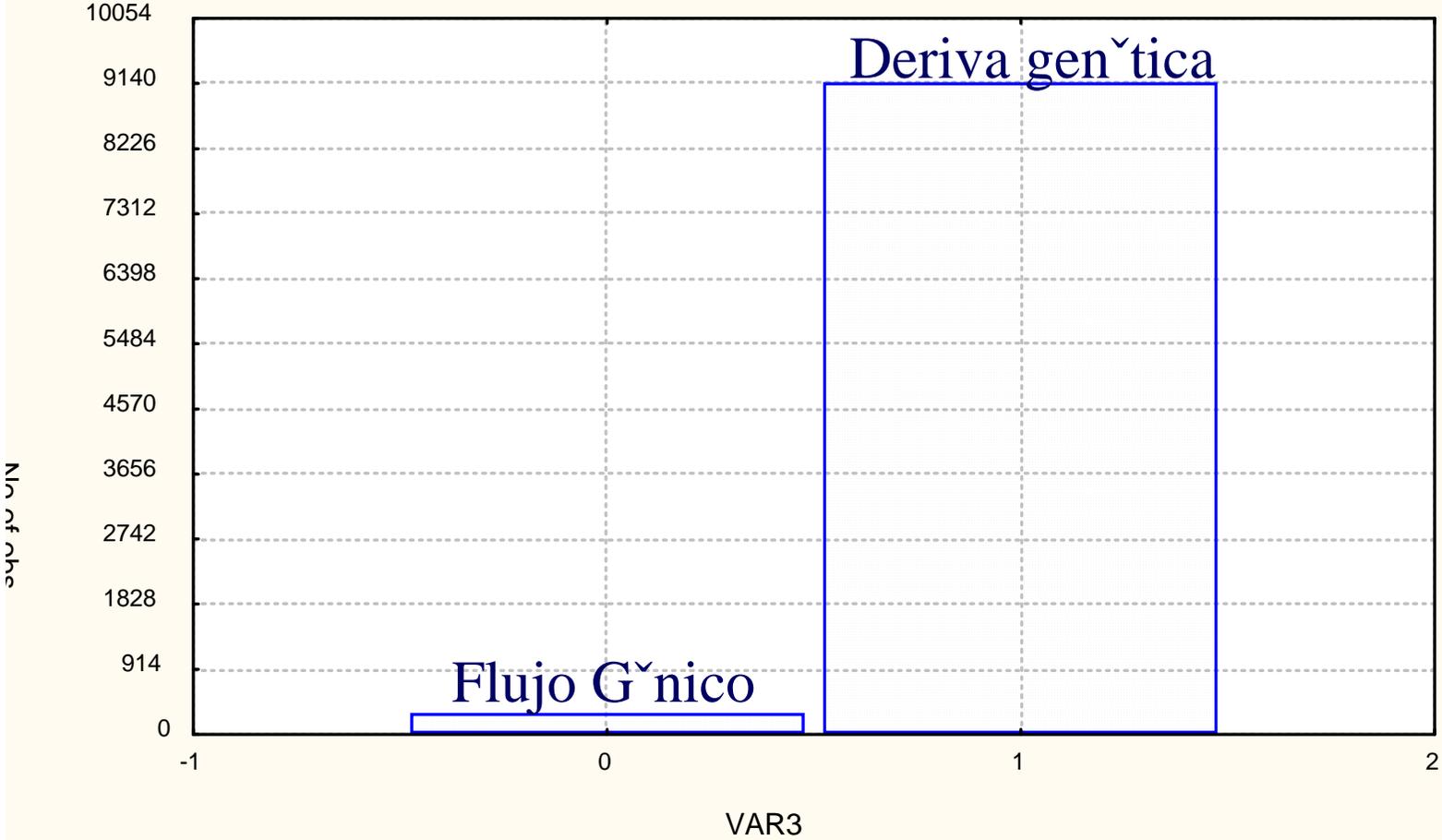


100.000 simulaciones

OSO ANDINO: simulacion II



Histogram: VAR3



50.000 simulaciones

Coalescencia.....

- Asignación de individuos
- Migrantes
- Número de acervos genéticos
 - Pritchard et al (2000) STRUCTURE
 - 2 acervos: Ecuador y (Colombia-Venezuela)
 - + muestras de Perú y Bolivia. GENECLASS
 - Discrimina individuos de Colombia y Ecuador = 96.23 % asignación correcta
 - incluyendo los ejemplares analizados de Venezuela, Perú y Bolivia, estos porcentajes descendieron

“.....este resultado pone de manifiesto que existe una fuerte diferenciación genética entre una buena fracción de la población de osos de Colombia y Ecuador, pero esta diferenciación genética no es tan poderosa entre animales de Venezuela, Perú y Bolivia respecto a los animales de esos dos países....”



Coalescencia.....



- Microsatelites: diferenciación genética más notoria entre los animales colombianos y ecuatorianos.
- mtDNA: máxima diferenciación se da entre animales peruanos con respecto a animales procedentes de Venezuela, Colombia y Ecuador.
- **WhichRun:**
 - Ecuador, un 55.88 % de los ejemplares analizados de ese país resultaron mal clasificados.
 - ¡El 100 % de esos animales mal clasificados presentaron probabilidades mayores de pertenecer al grupo de animales procedente de Venezuela! .
 - Colombia, el 70 % de los animales presentaron probabilidades mayores de pertenecer a otros acervos diferentes. Un 7.14 % presentó un perfil similar al de la muestra de origen ecuatoriano, pero el 92.86 %, ¡de nuevo!, presentó mayor filiación con el acervo venezolano.
 - grupo peruano-boliviano: El 28.57 % de los animales del , también mostró estar mal clasificado, perteneciendo el 100 % de los mismos, ¡otra vez!, al perfil venezolano.
 - Venezuela, un 20 % de los animales presentaron una mayor filiación al grupo colombiano.

“...los animales venezolanos poseen perfiles genéticos que son los más generalizados, porque son los originales, los más antiguos, a partir de los cuáles se fueron creando otros perfiles genéticos paralelamente a que los osos fueron colonizando nuevas tierras en los Andes, en dirección sur...”

- muestras venezolanas = una mayor variabilidad genética (= heterocigosis)
- las poblaciones originales son aquellas que poseen mayor variabilidad genética (Dobzhansky, 1971).

Coalescencia.....



- **Immanc-5**

- Ecuador siempre presentó, en las últimas cuatro generaciones, probabilidades mayores de haberse mezclado con las poblaciones de Perú y de Bolivia que con las poblaciones de Colombia o Venezuela.
- Venezuela y Colombia se diferenciaron más de Bolivia que Peru

“..... existe un gradiente de mayor diferenciación hacia el sur, respetando la máxima diferenciación entre las poblaciones colombianas y ecuatorianas....”

- % de ejemplares que presentaron mayores probabilidades de ser asignados a diferentes países que al suyo propio, en la generación actual y en las 3 últimas generaciones:
 - generación actual = Ecuador un 35.29 %, Colombia un 30 %, Venezuela un 20 %, Perú y Bolivia presentan un 0 %.
 - Hace 1 generación = Ecuador un 14.71 %, Colombia un 15 %, Venezuela un 0 %, Perú y Bolivia presentan un 0 %.
 - Hace 2 generaciones = Ecuador un 8.82 %, Colombia un 10 %, Venezuela un 0 %, Perú y Bolivia presentan un 0 %.
 - Hace 3 generaciones = Ecuador un 11.76 %, Colombia un 10 %, Venezuela un 0 %, Perú y Bolivia presentan un 0 %.



Explicaciones.....

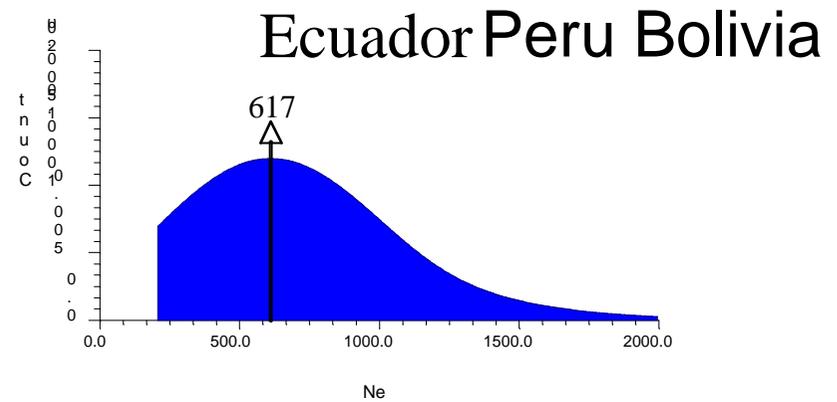
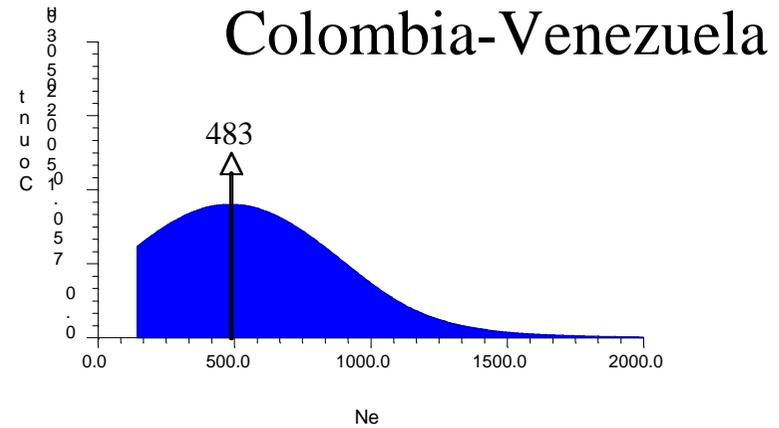
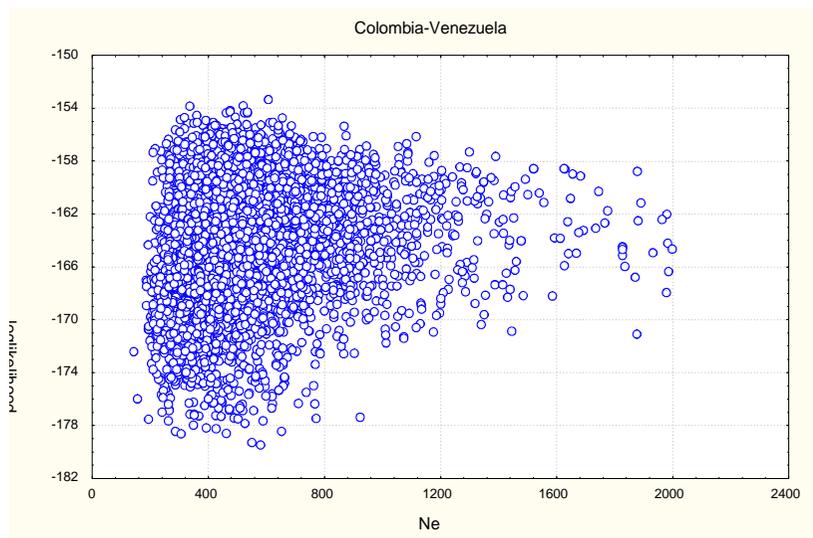
- **POSIBILIDADES**
 - En Ecuador y en Colombia existen poblaciones de osos con diferentes acervos genéticos,
 - Ecuador y Colombia han sido los territorios de paso donde han convergido más linajes genéticos diferentes, sin que, se hayan entrecruzado.
 - Es un fenómeno espúreo debido a que de Ecuador y Colombia hay más muestras
- **EVIDENCIA**
- **Nuevo análisis, muestras de Antioquia (Colombia)**
 - difieren significativamente de los osos estudiados en otras regiones de Colombia.
 - los perfiles genéticos de los osos de Perú y Bolivia pueden ser extremadamente característicos aunque la muestra es muy limitada.

rep3

Descriptive Statistics (rep3stat. sta)

	Valid N	Mean	Median	Minimum	Maximum	Lower Quartile	Upper Quartile	Std.Dev.
VAR3	6400	519.4850	466.7935	142.9597	1998.730	360.2294	610.3812	231.7915
VAR4	6400	672.2500	601.0520	207.1946	1993.581	472.8902	789.3719	284.5640

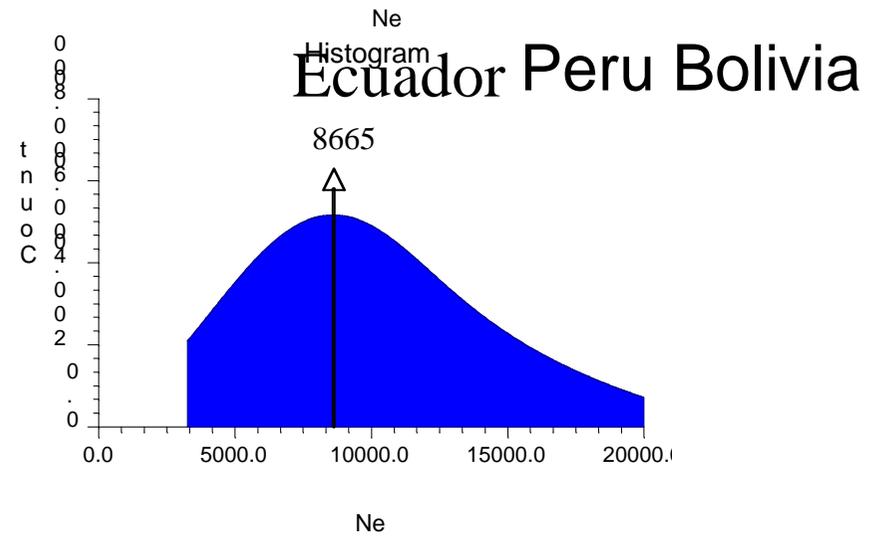
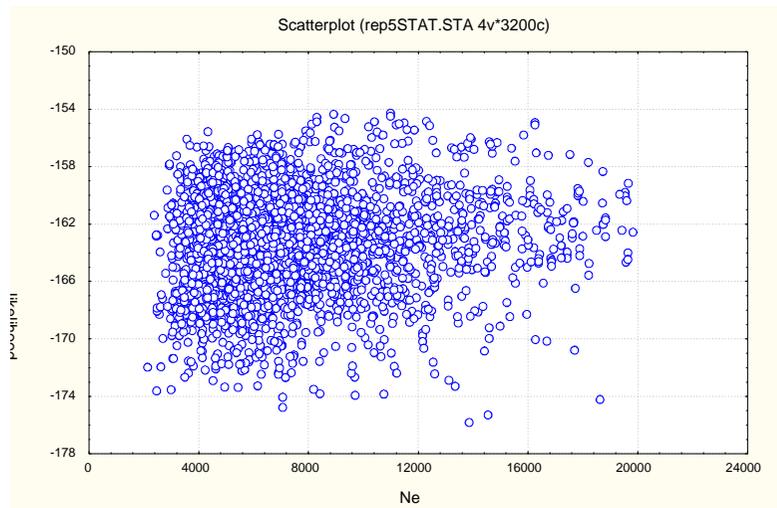
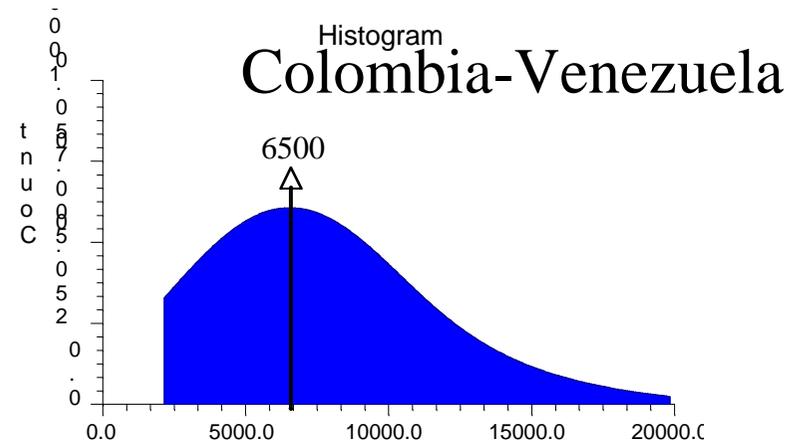
	harmonic mean
VAR3	446.3076
VAR4	580.9515



Descriptive Statistics (rep5stat. sta)

	Valid N	Mean	Median	Minimum	Maximum	Lower Quartile	Upper Quartile	Quartile Range	Std.Dev.
VAR3	3201	7386.397	6600.714	100.0000	19833.19	4959.462	8975.59	4016.128	3252.150
VAR4	3201	9886.727	9063.968	100.0000	19992.69	6915.360	12208.45	5293.092	3807.696

	harmonic mean
VAR3	6126.424
VAR4	8373.601





Números efectivos (teoría de la coalescencia Nielsen, 1997)

- Venezuela = 912 - 1129
- Colombia = 1869 - 6674
- Ecuador = 778 - 2778
- Toda la especie = 5500 – 30000
 - coinciden con los censos en campo
 - la población de oso andino a lo largo de su historia evolutiva ha sido bastante constante
 - Si esta especie hubiera decrecido en las últimas décadas, existiría una discordancia entre ambos números

“.....nos encontramos ante una especie que siempre ha tenido tamaños poblacionales pequeños independientemente de la acción antrópica de los últimos siglos.....”

- Pruebas para detectar cuellos de botella (Cornuet & Luikart, 1996; Luikart et al., 1998, Garza & Williamson, 2001)
 - Ninguno detectó cambio en el tamaño de las poblaciones
- Pollak (1983), calcula el número efectivo con el cambio temporal de las frecuencias alélicas
 - el número efectivo de osos, que colonizó el actual territorio ecuatoriano procedentes de los actuales territorios de Venezuela y centro-norte de Colombia, habría sido de unos 474 osos

Panorama general.....



- Es una especie con moderada, o baja, variabilidad genética
- Con poblaciones tradicionalmente pequeñas y bastante aisladas genéticamente
- Pero, hay mas preguntas.....
 - **¿cuándo se produjo la fragmentación de esas poblaciones?**
 - **¿Es un proceso reciente, digamos de los últimos 500 años, con la llegada de los europeos? o**
 - **¿fue un proceso ancestral que se dio hace miles de años cuando la especie colonizó Sudamérica?**

+ coalescencia..... dlik 1.2 (O' Ryan et al (1998))



- Escenario I: ...la fragmentación de las poblaciones de osos de Venezuela y Colombia se produjo hace 500 años con la llegada de los españoles y el deterioro consiguiente del ambiente.....
 - tamaño efectivo = 575 animales,
 - valor \lll número efectivo
 - Colombia y Ecuador =573 animales
- Escenario II: la fragmentación se dio hace 10.000 años, coincidiendo con la última glaciación y extinción masiva de mamíferos (o, alternativamente, con la llegada del hombre a América).....
 - Número efectivo de 4.075 animales para la fragmentación de las poblaciones de Venezuela y Colombia
 - 21.000 animales para la separación de las poblaciones de Colombia con respecto a las poblaciones situadas más meridionalmente

Por lo tanto.... 10.000 años como punto de partida de la fragmentación entre ambas poblaciones, es la que concuerda mejor
..... esa fragmentación se produjo mucho más probablemente hace, al menos, 10.000 años que en épocas más recientes
..... cualquier tipo de fragmentación que se de en el presente se adiciona a la fragmentación ancestral

Gracias.....

