

Caracterización de los patrones de diversidad genética en y entre poblaciones de Oso Andino en Venezuela

Isaac Goldstein
Ananias Escalante

El oso andino tiene una amplia distribución a lo largo de la cordillera de los Andes, desde la cordillera de Mérida y Portuguesa en Venezuela, hasta la frontera entre Bolivia y Argentina, en un rango altitudinal que va desde los 250 hasta los 4750 metros sobre el nivel del mar, ocupando una gran variedad de tipos de hábitat.

El Oso Andino está catalogado como especie vulnerable a la extinción (Categoría de la Lista Roja de IUCN) principalmente debido a la acelerada destrucción de su hábitat que tiene como resultado la pérdida y/o fragmentación del mismo.

Esta pérdida y fragmentación del hábitat reduce la viabilidad de las poblaciones de oso andino debido tanto a la reducción del número efectivo de individuos en cada población, como por la reducción de la variabilidad genética de las poblaciones.

Tomando en cuenta la problemática expuesta, una medida importante para la conservación de esta especie es la creación, ampliación o la conexión de unidades de conservación de manera de asegurar poblaciones cuyo número de individuos sea lo suficientemente grande y que tengan flujo genético entre grupos de individuos. Sin embargo, sabemos que conectar?. Sabemos si 2 grupos de osos forman parte del mismo pool genético?. Sabemos cuáles son las diferencias genéticas entre grupos de animales y a qué variables responden dichas diferencias? Tenemos que responder estas preguntas para entonces poder tomar decisiones de manejo que permitan la conservación de poblaciones de Oso Andino a largo plazo.

El propósito de este trabajo es el de generar información base sobre la variabilidad genética y estructura de dicha variabilidad en la población de Osos Andinos de Venezuela. Para alcanzar dicha meta el proyecto establece los siguientes objetivos: 1_ Determinar los patrones espaciales de diversidad genética en y entre poblaciones (estudio de la diversidad y discontinuidad); 2_ Establecer el número y distribución de poblaciones que definidas como distintas (ESU's); 3- Explicar los patrones de diversidad genética observados en relación con variables ambientales o antrópicas (tipos de hábitat, distancia entre bloques, topografía, intervención humana, etc).

La metodología a utilizar va a estar dividida en 3 etapas básicas: colecta de material genético en campo, análisis de laboratorio de las muestras genéticas y análisis geoestadístico de la variabilidad genética