



Universidad de Concepción  
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas



**FILOGEOGRAFÍA DE *ABROTHRIX LONGIPILIS* (RODENTIA: SIGMODONTINAE)**



Seminario de Título presentado a la  
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas  
Para optar al título de Biólogo

Cristina Ximena Sierra-Cisternas

Concepción, Diciembre del 2010

## RESUMEN

*Abrothrix longipilis* es una especie de sigmodontino ampliamente distribuida en Argentina y Chile (desde Mendoza y Coquimbo en el norte hasta Tierra del Fuego en el sur). Actualmente se reconocen ocho subespecies delimitadas principalmente por caracteres morfológicos; estudios recientes sugieren que por lo menos en Chile existe una concordancia con el esquema clásico de las subespecies, pero no presentan resultados para la distribución argentina. El presente estudio tiene el objetivo de poner a prueba la concordancia entre el esquema clásico y el patrón filogeográfico recobrado con genealogías mitocondriales y de un locus no ligado al ADN mitocondrial y al mismo tiempo contribuir a clarificar las causas que promovieron la diferenciación. Para ello se analizaron secuencias del gen del Citocromo b de 801 pares de bases de 124 especímenes recolectados en 41 localidades argentinas y chilenas, también se seleccionaron 37 individuos de 28 localidades relevantes para secuenciar el gen nuclear  $\beta$ -fibrinógeno. Los análisis tuvieron un enfoque genealógico y genético-poblacional. El estudio del gen del citocromo b recobró 8 clados mayores, fuertemente apoyados, estructurados geográficamente y con una diferenciación genética importante, siendo el clado más divergente el recobrado en el norte de la distribución que contienen individuos topotipos de la forma nominal *Abrothrix longipilis longipilis*, el análisis concatenado de secuencias nucleares y mitocondriales fue concordante con lo recobrado con Citocromo b, mientras que al analizar secuencias del gen de  $\beta$ -fibrinógeno se recobra una topología distinta, llana y poco estructurada geográficamente. En base a estos resultados se concluye que la falta de consistencia entre las topologías podría estar originada principalmente por la clasificación incompleta de los linajes polimórficos. El Patrón genealógico recobrado con Citocromo b nos indica que la divergencia importante entre los grupos podría haberse originado en múltiples refugios en alopatria durante el Último Máximo Glaciar, además existe una falta de congruencia importante con la clasificación clásica, por este motivo se propuso la existencia de dos especies *A. longipilis* que agrupa a las formas del norte de la distribución y *A. hirta* que agruparía al resto de los grupos reconociéndose subespecies, pero que tampoco se corresponderían con la clasificación clásica.