

## Revisión de los aportes de los datos moleculares en la conservación de mamíferos con especial énfasis en la asignación geográfica de ejemplares procedentes del tráfico y caza ilegal en Colombia y en Latinoamérica

### Review of the contributions of the molecular data to the mammalian conservation with special emphasis in the geographical assignment of exemplars from the illegal traffic and hunting in Colombia and Latin America

**Manuel Ruiz-García**

Laboratorio de Genética de Poblaciones Molecular y Biología Evolutiva.  
Departamento de Biología. Facultad de Ciencias.  
Pontificia Universidad Javeriana. Cra 7ª. No 43-82.  
Bogotá DC, Colombia.  
mruizgar@yahoo.es; mruiz@javeriana.edu.co

Recibido: 2 de septiembre de 2017. Aceptado: 2 de diciembre de 2017.  
Publicado en formato electrónico: 20 de diciembre de 2018.

**Palabras clave:** Genética de Poblaciones, Marcadores Nucleares y Mitocondriales, Asignación Poblacional, Mamíferos Neotropicales, Tráfico y Caza Ilegal, Banco de Datos Genéticos, Colombia, Latinoamérica.

**Key words:** Population Genetics, Nuclear and Mitochondrial markers, Population assignment, Neotropical mammals, Illegal traffic and Hunting, Genetic Data Banks, Colombia, Latin America.

#### RESUMEN

En la presente revisión se analiza la aportación que hace la genética de poblaciones con el uso de marcadores moleculares en favor de la conservación biológica de mamíferos. Se comentan específicamente nueve puntos (identificación de especies, identificación de individuos determinados, determinación de parentesco, determinación de sexo, estimación de composición de poblaciones con orígenes múltiples, detección de híbridos, viabilidad de translocaciones, maximización de la diversidad genética en especies en cautiverio extintas en la naturaleza, y asignación geográfica de especímenes, o tejidos, decomisados procedentes de tráfico o caza ilegal). Se trata con especial énfasis este último punto. Para ello, se ilustra con detalle la capacidad de asignación geográfica que se ha generado en el Laboratorio de Genética de Poblaciones Molecular-Biología Evolutiva de la Pontificia Universidad Javeriana en Bogotá (Colombia), al aplicar diferentes tipos de marcadores moleculares a unos 10 000 ejemplares de la mayor parte de especies de mamíferos silvestres que se decomisan en ese país. Se da a conocer un nuevo banco de datos genéticos (Gen-y-Libertad), el cual contiene información a cerca de qué especies, para qué marcadores, cuantos ejemplares han sido analizados, y de qué países proceden las muestras, que puede permitir la asignación geográfica correcta de ejemplares de mamíferos ilegalmente traficados o cazados en Colombia y, también, en otros países de Latinoamérica. Igualmente, se describen los grupos y especies de mamíferos de los que todavía no se dispone de esa capacidad de asignación geográfica, pero que se está trabajando para tenerla en un futuro cercano. También se comentan diferentes estudios en otros países latinoamericanos que podrían complementar la capacidad de asignación geográfica de fauna mastozoológica decomisada a nivel global en toda Latinoamérica.

#### ABSTRACT

In the current review, I analyze the contribution of the population genetics, with the use of molecular markers, to the mammalian conservation biology. Nine specific points are commented (species identification, specific individual identification, kinship determination, sex identity, multiple origin population identification, hybrid detection, translocation viability, genetic diversity increase in extinct species in captivity, and geographical assignment of individuals, or tissues, sized from illegal traffic and hunting). This last point was extensively treated. For this reason, I show in detail the ability of geographical assignment that it has been generated in the Laboratory

of Molecular Population Genetics-Evolutionary Biology at the Pontificia Javeriana University in Bogota (Colombia) to apply different types of molecular markers to around 10,000 specimens of a large fraction of wild mammal species, which are sized in that country. A new genetic data bank is presented here (Gene-and-Freedom), which shows of what species, for which genes, how many individuals have been analyzed, and which countries come from samples, which can allow the correct geographical assignment of mammal individuals illegally trafficked and hunting in Colombia as well as in other Latin American countries. Likewise, it was described the groups and species of mammals that still lacks the capacity of geographical assignment, but we are working to have it in the near future. Furthermore, it is discussed different studies in other Latin American countries which could complement the capacity of geographical assignment of mammal fauna globally seized in all Latin America

## I. INTRODUCCIÓN

Tradicionalmente se consideran tres grandes niveles de biodiversidad: genes, especies y ecosistemas (PRIMACK, 1998). Sin embargo, no se puede olvidar otro nivel de biodiversidad intermedio entre los genes y genomas y las especies. Es el nivel de las poblaciones, las cuales son de vital importancia para la persistencia a largo plazo de las especies (HUGHES *et al.*, 1997; LUCK *et al.*, 2003). Obviamente, todos los niveles de biodiversidad son trascendentes porque unos dependen de otros y hacen parte de un continuo que caracteriza el fenómeno viviente.

La especie humana debería imperativamente conservar la biodiversidad por diversas razones. Desde una perspectiva antropocéntrica, esa biodiversidad es la que nos permite alimentarnos, obtener diferentes tipos de fibras esenciales para nuestro vestuario, fabricar ingente cantidad de productos médicos y farmacéuticos esenciales para nuestra salud, además de otras muchas cuestiones adicionales (PRIMACK, 1998). Desde una perspectiva mucho más universal, todas las formas vivientes deberían tener derecho a existir en el marco que posibilita la evolución biológica, independientemente de los intereses materialistas antropocéntricos.

Algunos autores apuntan a una sexta gran extinción de las formas vivientes causada directa, o indirectamente, por los humanos (LEAKEY & LEWIN, 1995). De hecho, se ha constatado la extinción de unas 85 especies de mamíferos, 113 de aves, 23 de anfibios y reptiles, 23 de peces, 98 de invertebrados y 384 especies de plantas con flores en los últimos 400 años (FREELAND, 2005). Aunque la extinción es un proceso natural, el ritmo de esa extinción es extraordinariamente elevado debido a las actividades propiamente antrópicas. Tampoco hay que olvidar que el tráfico ilegal de fauna constituye, después del narcotráfico y de la venta de armas, el tercer comercio ilícito a nivel mundial más próspero económicamente hablando (ROBERT, 2000).

La presente revisión tiene como objetivos desarrollar tres tópicos que van desde lo general a lo concreto: 1- Resumir algunos de los conceptos que aborda la genética de poblaciones y que son de utilidad para la conservación biológica, enfatizados mayoritariamente en el caso de diversos taxones de mamíferos; 2- Resumir sucintamente diversos métodos de análisis en genética de poblaciones que permiten asignar geográficamente con elevada probabilidad individuos decomisados o cazados ilegalmente, y 3- Realizar un resumen exhaustivo de los taxones de mamíferos, que frecuentemente son decomisados o cazados ilegalmente en Colombia y en otras áreas de Latinoamérica, y de los que se posee ya una amplio banco de datos genéticos (o se está en vía de tenerlos en breve tiempo) y que permite la asignación geográfica de los mismos con una elevada probabilidad.

## 2. ¿QUÉ APORTES HACE LA GENÉTICA DE POBLACIONES A LA CONSERVACIÓN BIOLÓGICA?

### 2.1. Identificación de especies

El primer nivel de conocimiento con proyección conservacionista, en el que puede ayudar la genética de poblaciones, es la correcta identificación de especies. Muchos productos de diferente uso pueden proceder de especies que son ilegalmente utilizadas para determinado fin. Sin embargo, la identificación de especies puede ser compleja en algunas ocasiones. La existencia de más de 30 definiciones de especie (HEY *et al.*, 2003), pone de manifiesto que históricamente no ha existido unanimidad por parte de los investigadores de qué es una especie. En especial, la transición en el uso del concepto biológico de especie (BSC; MAYR, 1942, 1963), fundamentada en la cohesi-

vidad reproductiva entre poblaciones de organismos similares, al advenimiento de la definición filogenética de especie (PSC; CRACRAFT, 1983), fundamentada en la detección de las agrupaciones menores estadísticamente significativas en árboles filogenéticos estimados a partir de datos morfológicos y/o moleculares, ha provocado una inflación taxonómica considerable (ISAAC *et al.*, 2004; ZACHOS *et al.*, 2013), que puede interferir en aspectos concretos de la conservación biológica. Existen numerosos ejemplos donde las técnicas moleculares y estadísticas, que han nacido en el seno de la biología evolutiva, genética de poblaciones o ecología molecular, permiten determinar la correspondencia correcta entre productos varios y las especies de las que proceden.

Un ejemplo célebre fue el proporcionado por BAKER *et al.* (1996) con el hallazgo de comercio ilegal de carne de ballenas en diversos mercados coreanos y japoneses al secuenciar la región de control del ADN mitocondrial (mt). Aproximadamente el 50 % de la carne comerciada correspondía a especies protegidas legalmente. MALIK *et al.* (1997), analizando un fragmento del gen mt *Cyt-b*, mostraron que, parte de los supuestos penes de pinnípedos que se venden en farmacias tradicionales asiáticas están integrados, en ocasiones, por penes de otras especies de mamíferos. De 21 penes analizados, siete correspondían a especies de mamíferos no pertenecientes a ese grupo de mamíferos acuáticos, lo que pone de manifiesto el fraude que se puede dar en ese tipo de comercio. RUIZ-GARCÍA (no publicado) comprobó, mediante el análisis de secuencias del gen mt *COI*, que los supuestos penes de lobo marino de un pelo (*Otaria flavescens*) que algunos pescadores venden en el puerto de San Antonio (Chile) pertenecían a ganado vacuno. También RUIZ-GARCÍA (no publicado) determinó, mediante el análisis del microsatélite de ADN nuclear, *FCA45*, que dos cráneos regalados al autor de este escrito, uno procedente del departamento de Norte de Santander (Colombia) y que, presuntamente, correspondía a un puma (*Puma concolor*) joven, en realidad pertenecía a un jaguar joven (*Panthera onca*), y que un cráneo donado por un indígena en el río Mamoré (Bolivia) y que, enfáticamente según el indígena, pertenecía a una cría de jaguar, realmente pertenecía a una cría de puma. Un único marcador nuclear que posee alelos con tamaños que no se sobrelapan en esas dos especies resultó suficiente para distinguir ambas especies. Posteriormente, secuencias de tres genes mitocondriales confirmaron ambos diagnósticos.

Una especie emblemática de la conservación biológica es el caballo de Przewalski (*Equus przewalskii*). Este caballo de las estepas asiáticas fue descubierto en 1879 por el capitán de caballería ruso, Nikolai Michailovitsch Przewalski. Ya desde un inicio del primer reporte científico, se debatió si es una especie plenamente diferenciada del caballo doméstico o una subespecie de éste. Ya se da por extinto en la naturaleza, pero quedan stocks de estos caballos en diferentes instituciones zoológicas (p. e. Zoológico de Praga). Ambas formas se pueden entrecruzar y la descendencia es fértil sin problemas. El estudio de LAU *et al.* (2009) empleó las secuencias de cinco intrones homólogos (3 000 pares de bases) de los cromosomas X e Y en dos caballos de Przewalski y en ejemplares de tres razas de caballos domésticos (caballo árabe, caballo doméstico mongol, y una raza de pony), además de cinco intrones autosómicos (6 000 pares de bases). Las secuencias de cromosoma X y las de cromosomas autosómicos no mostraron que los ejemplares de caballo de Przewalski formaran un clado diferenciado al de los caballos domésticos. También el estudio reveló que la formación del caballo doméstico se realizó con muy pocos machos pero con grupos grandes de hembras. Más recientemente, ORLANDO *et al.* (2013), secuenciando más de 5 000 genes diferentes, determinaron que la divergencia entre el caballo de Przewalski y los caballos domésticos se dio entre 0.38 y 0.72 millones de años atrás, considerando que son dos subespecies diferentes. Sin embargo, representan dos linajes que, desde entonces, tienen trayectorias evolutivas independientes por lo que la necesidad de preservar los caballos de Przewalski es máxima.

Hace relativamente pocos años, se han empezado a utilizar fragmentos de ciertos genes mitocondriales como código de barras ("DNA barcode"; MORITZ & CICERO, 2004). El gen mt *COI* ha emergido para esta tarea en animales. HEBERT *et al.* (2003a,b; 2004 a,b) han argüido en favor del uso de un fragmento 5' de este gen (648 pares de bases) como código de barras para distinguir especies en grupos tan variados como artrópodos, peces, aves, y mamíferos (AGRIZZI *et al.*, 2012; BORISENKO *et al.*, 2008; ELMEER *et al.*, 2012; LIM, 2012). KARTAVRSEV (2011) analizó secuencias de 20.731 especies de vertebrados e invertebrados para este gen mitocondrial, estimando los valores promedios de distancias genéticas entre diferentes grupos de organismos. Para poblaciones dentro de especies, el valor fue de 0.89 % ± 0.16 %, 3.78 % ± 1.18 % para subespecies o semi-especies, 11.06 % ± 0.53 % para especies bien diferenciadas dentro de un género determinado; 16.

60 %  $\pm$  0.69 % para especies de diferentes géneros dentro de una misma familia, y 20.57 %  $\pm$  0.40 % para especies de diferentes familias de un mismo orden.

Como ya se ha mencionado, también existen marcadores nucleares que pueden desempeñar una tarea efectiva en la discriminación de especies aunque, por ejemplo, las secuencias de intrones nucleares, tienen tasas evolutivas menores que el ADN mitocondrial y tienden a ser menos efectivas para discriminar especies (PALUMBI & CIPRIANO, 1998). Sin embargo, ciertos microsatélites, con elevadas tasas de evolución, poseen alelos diagnósticos para diversos grupos de organismos (p. e. primates neotropicales, RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2004; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2006a; diversas especies de felinos del género *Leopardus*, RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2013c, 2017k; o diversas especies de ungulados, MAUDET *et al.*, 2004). También, en la actualidad, se han desarrollado otros marcadores nucleares que pueden ser muy útiles en la diferenciación de especies. Es el caso de los SINEs ("short interspersed elements"), que han permitido, por ejemplo, diferenciar especies de primates (p. e. OSTERHOLZ *et al.*, 2009; KONKEL *et al.*, 2010) y los SNPs ("single nucleotide polymorphisms") que han mostrado, incluso, más capacidad de discriminación que los marcadores anteriormente comentados. Los SNPs han permitido diferenciar especies de mamíferos (p. e. camélidos; PRASAD *et al.*, 2014). Los SNPs tienen la gran ventaja de poseer menos probabilidades de errores de genotipificación que poseen otros marcadores moleculares.

## 2.2. Identificación de individuos específicos

Un segundo cometido de los análisis genéticos enfocados a la conservación biológica es la identificación correcta de individuos específicos. Por ejemplo, a principios de los 2000, el biólogo Armando Castellanos remitió al autor de esta revisión, muestras de pelos de oso andino (*Tremarctos ornatus*) dejados en escenas de ataques al ganado vacuno en Ecuador. Los análisis con microsatélites mostraron que todos los ataques donde quedaron pelos de úrsido, pertenecían a un mismo ejemplar. Esto implica que no se podía capturar, o eliminar, cualquier oso de la región problemática, ya que solo uno era el responsable de los ataques y la eliminación al azar de cualquier oso habría tenido una muy negativa repercusión en esa población de osos andinos. En diferentes estudios ecológicos, se ha individualizado cuántos ejemplares de una especie dada viven en una zona determinada analizando microsatélites a partir del ADN recuperado de heces. Por ejemplo, RUIZ-GARCÍA *et al.* (2009) determinaron el número de diferentes pumas que habitaban en una buena parte del Parque Nacional Sajama (Bolivia) a partir de ese procedimiento. Otro caso, podría corresponder a especímenes utilizados como trofeos e interceptados, por ejemplo, en un aeropuerto, y conocer si los mismos son ejemplares cazados en una zona ilegal (p. e: un parque nacional) donde quedaron gotas de sangre o pelo en el momento de su caza ilegal.

Aunque los microsatélites son marcadores muy adecuados para ese fin, en ciertas circunstancias la región de control del ADN mitocondrial puede aportar información al respecto. En muchos carnívoros (SAVOLAINEN *et al.*, 2000), esa zona mitocondrial posee un diferente número de tándems de repetición, los cuales son altamente polimórficos y permiten diferenciar individuos. Aunque los tándems de repetición del ADN mitocondrial tienen menor poder estadístico que los microsatélites para ese propósito porque representan a un solo marcador, tienen la ventaja de que pelos sin bulbos puede proporcionar ADN mitocondrial pero no nuclear (WATSON, 2000).

## 2.3. Determinación de parentesco

Un tercer aspecto que puede aportar la genética de poblaciones a la conservación biológica tiene que ver con la determinación del parentesco de determinados ejemplares. Puede ocurrir que un particular, o una institución, tengan permiso para la tenencia de algún ejemplar adulto de una especie de interés. En un momento dado, además del mismo, se detecta que la posesión de alguna cría de esa especie. Desde el punto de vista legal no es lo mismo que esa cría provenga de la reproducción de los ejemplares que legalmente estaban en cautiverio o que esa cría haya sido extraída directamente de la naturaleza sin permisos y se quiera hacer pasar como cría de los ejemplares legales en cautiverio. La utilización de marcadores microsatélites puede determinar con una probabilidad muy elevada cuál de las dos situaciones corresponde a la realidad.

#### 2.4. Determinación de sexo

Una cuarta modalidad de ayuda de la genética de poblaciones a la conservación biológica es la determinación del sexo de los ejemplares de interés. Existen muchas especies en las que el dimorfismo sexual es inconspicuo, caso, por ejemplo, de los psitácidos (loros, guacamayas). En cautiverio, muchas veces se deben formar parejas para la cría de especies. La determinación del sexo es fundamental para constituir esas parejas y la utilización de técnicas lamparoscópicas puede ser muy traumática para los ejemplares. El análisis, por ejemplo, de secuencias asociadas a los cromosoma X o Y (ZFX y ZFY, respectivamente) puede resolver fácilmente ese problema. También este procedimiento de identificación del sexo con métodos moleculares puede ser de vital importancia para la detección de recolección, o caza, ilegal de uno de los sexos que esté prohibido por ley. SPONG *et al.* (2000) estudiaron 77 pieles de leopardo (*Panthera pardus*) cazados en Tanzania entre 1995 y 1998, supuestamente, todas ellas procedentes de machos. En ese país la caza de hembras está prohibida. Sin embargo, los investigadores mostraron con métodos moleculares que 22 de esas pieles procedían de hembras que fueron, pues, ilegalmente cazadas.

#### 2.5. Estimación de composición de poblaciones con orígenes múltiples

Una quinta aportación de la genética de poblaciones a la conservación biológica es la estimación de la composición de una población que esté genéticamente constituida por diferentes grupos y que permita, por ejemplo, estimar el porcentaje de contribución de cada grupo reproductivo en el interior de la población total. Existen procedimientos estadísticos, como los realizados en el programa Structure (PRITCHARD *et al.*, 2000), que permiten estimar el porcentaje del genoma analizado de un individuo que se originó de cada uno de los linajes reproductores diferentes que pueden haber convergido en esa población.

#### 2.6. Detección de híbridos

Un sexto desempeño de la genética de poblaciones en tareas de conservación tiene que ver con la detección de híbridos. Desde una perspectiva conservacionista los híbridos recientes por constricciones antropocéntricas podrían ser indeseables. De hecho, el Acta Estadounidense de especies en peligro (ESA) afirma que los híbridos no deberían ser protegidos. Sin embargo, la situación no es tan simple por diversos motivos. Aunque hace algunos años se consideraba que la hibridación era de menor importancia en el origen de especies de animales (a diferencia de lo que tradicionalmente se ha conocido con las plantas), cada vez se tienen más pruebas de que la hibridación puede haber sido de vital importancia en la aparición de muchas especies animales, incluyendo mamíferos (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017j).

ROCA *et al.* (2005) analizaron elefantes africanos (*Loxodonta africana*) de sabana y de selva, concluyendo que eran especies diferenciadas y separadas por una zona híbrida. Detectaron disociación cito-nuclear, lo cual indica historias evolutivas diferentes para los genomas nucleares y mitocondriales. Parece que el fenómeno está relacionado con antiguos eventos de hibridación entre machos de sabana y hembras de selva. Los machos de sabana son de mayor porte y seguramente dominantes reproductivamente respecto a los machos híbridos y de selva. Posteriormente, se dieron recurrentemente cruzamientos de hembras híbridas con elefantes de sabana, lo cual permitió reemplazar el genoma nuclear de origen selvático en los elefantes de sabana.

Otro ejemplo clásico es el que involucra a tres cánidos norteamericanos, el lobo gris (*Canis lupus*), el coyote (*Canis latrans*) y la posible especie diferenciada, el lobo rojo (*Canis rufus*). Algunos autores han sugerido que el lobo rojo del sureste de Estados Unidos se originó de la hibridación del coyote y el lobo gris (LEHMAN *et al.*, 1991; WAYNE *et al.*, 1991; ROY *et al.*, 1994, 1996; REICH *et al.*, 1999), debido a que los lobos rojos comparten haplotipos mitocondriales con ambas especies. Sin embargo, esta hipótesis ha sido muy criticada por diferentes autores (KYLE *et al.*, 2006). Más recientemente, utilizando análisis con genomas completos, parece desprenderse que, efectivamente, el lobo rojo es un híbrido entre el lobo gris y el coyote (VAN HOLDT *et al.*, 2016).

También se ha mostrado la importancia de la hibridación entre los osos polares (*Ursus maritimus*) y los osos pardos (*Ursus arctos*). El ADN mitocondrial del oso polar se encuentra en los osos pardos de las islas Admiralty, Baranof, y Chichagof, y en la zona continental de Alaska. El genoma de los osos pardos parece contener hasta un 8.8 %

de ancestría procedente del oso polar, mientras que el genoma del oso polar parece no contener ancestría del oso pardo (CAHILL *et al.*, 2013). En el caso de los tigrillos (“a priori” *Leopardus tigrinus*), diversos autores han mostrado la enorme importancia en los procesos de especiación de la hibridación de éstos con diferentes especies de otros pequeños felinos manchados, como *Leopardus geoffroyi*, en Brasil y Bolivia, *Leopardus colocolo*, en Brasil, *Leopardus wiedii* y *Leopardus pardalis*, al menos en Colombia (TRIGO *et al.*, 2008, 2013, 2014; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017j).

Se han detectado otros casos de hibridación que son muy recientes. Por ejemplo, el caso del gato doméstico (*Felis catus*) y el gato montés europeo (*Felis silvestris*) en diferentes áreas de Europa (Escocia, Italia, España y Hungría; BEAUMONT *et al.*, 2001; RANDI *et al.*, 2001; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2001; LECIS *et al.*, 2006), o la hibridación entre el lince canadiense (*Lynx canadensis*) y el lince rojo (*Lynx rufus*) (KOEN *et al.*, 2014) en Norte América. En estos últimos casos, los híbridos podrían amenazar la integridad genética de las especies parentales y “a priori” podrían ser considerados indeseables. No obstante, la situación no es necesariamente simple. RHYMER *et al.* (1994) mostraron que, el ánade real (*Anas platyrhynchos*) introducido en Nueva Zelanda, hibridó extensivamente con el pato gris nativo (*Anas superciliosa superciliosa*), de tal modo que ninguna de las poblaciones de pato gris nativo es ya “pura”. Seguramente eliminar todas esas poblaciones híbridas no tiene mucho sentido, ya que la única manera de hacer perdurar los genes de la especie autóctona es conservar a esos híbridos.

## 2.7. Viabilidad de translocaciones

Una séptima ayuda de la genética de poblaciones a la conservación biológica tiene que ver con la posibilidad de determinar la viabilidad de translocaciones (reubicación geográfica de ejemplares). Pueden darse translocaciones de ejemplares en zonas donde la similitud genética entre los ejemplares traslocados y los residentes sea similar, teniendo ambos una considerable diversidad genética. También se puede proceder a translocaciones en poblaciones que podrían estar en riesgo de depresión endogámica, como un procedimiento para ayudar a incrementar las oportunidades de supervivencia a largo término (rescate genético) por aumento de heterocigosis (valor híbrido; DOBZHANSKY, 1955). Dos ejemplos de este fenómeno son muy dicentes.

El primero hace referencia a una población de lobos en el sur de la península Escandinava (VILA *et al.*, 2003). Esta población permanecía aislada de la población más cercana que distaba de unos 1 000 km en Finlandia. La única manada que quedaba de esa población meridional en Suecia solo contaba con 10 individuos a principios de los 80, pero en 2001 la población había crecido y alcanzó los 100 ejemplares y 11 manadas. El análisis de muestras obtenidas entre 1984 y 1991, incluyendo amplia variedad de marcadores moleculares, mostró que todos los ejemplares, anteriores a 1991, tenían un solo haplotipo mitocondrial y de cromosoma Y. La diversidad genética en los loci nucleares resultó muy baja. Todo indicó que esa manada estuvo fundada por un solo macho y una sola hembra. En 1991, la diversidad genética aumentó notablemente, apareciendo 10 nuevos alelos en 19 loci analizados en seis camadas nacidas ese año. Además, esas camadas portaban un nuevo haplotipo en el cromosoma Y. Esto indicó que un nuevo macho llegó a la población y se reprodujo exitosamente. Las camadas entre 1985 y 1990 mostraron una heterocigosis de 0.49, mientras que las camadas nacidas entre 1991 y 1995 mostraron una heterocigosis de 0.62. El aumento de la diversidad genética se correlacionó con la rápida expansión poblacional que aconteció en esa población. Un único ejemplar procedente de otra zona rápidamente aumentó el potencial de supervivencia de la población.

Otro ejemplo clásico es el del puma de la Florida (*Puma concolor coryi*). Esta pequeña población, debido a elevada deriva genética y endogamia, reveló casos de ejemplares con problemas cardíacos, malformaciones óseas, criptorquidia y espermatozoides con un porcentaje muy elevado de anomalías (ROELKE *et al.*, 1993). En 1995, se introdujeron ocho hembras del puma texano (*Puma concolor stanleyana*), que representa la población de pumas más cercana genéticamente. En pocos años, el tamaño de la población ascendió de unos 20 a unos 60 animales. Los porcentajes de anomalías esqueléticas y cardíacas descendieron notablemente. Los casos de criptorquidia también descendieron y la calidad de la motilidad espermática aumentó en los machos con ancestría texana.

## 2.8. Maximización de la diversidad genética en especies en cautiverio extintas en la naturaleza

Una octava contribución de la genética de poblaciones al concepto conservacionista consiste en la maximización de la diversidad genética en la reproducción de especies en cautiverio que práctica, o totalmente, están extintas en la naturaleza. Los pocos ejemplares que pueden quedar de esas especies, generalmente, están repartidos en unas pocas instituciones o zoológicos. De este modo, los cruzamientos más exitosos incrementando la diversidad genética de esas poblaciones en cautiverio requieren de la cooperación en el intercambio de ejemplares entre esas instituciones. En 1981, se creó el Programa de Supervivencia de Especies de la Asociación de Zoológicos y Acuarios Norteamericanos (SSP) para el intercambio de especímenes de unas 170 especies en situaciones de extinción y cuyos individuos están repartidos en diferentes zoológicos y acuarios. Un caso emblemático es el tití león dorado (*Leontopithecus rosalia*) originario del bosque atlántico brasileño. Esta es una especie que, probablemente habría desaparecido ya si no fuera por la acción llevada a cabo en los zoológicos. A principios de los 2000, existían unos 445 ejemplares en cerca de 150 zoológicos diferentes. La elección correcta de las parejas reproductivas para que maximicen la diversidad genética en los descendientes nacidos en cautiverio es esencial para la preservación a largo plazo de la especie. Aunque generalmente se han registrado asociaciones significativas entre los niveles de diversidad genética (heterocigosis) y la eficacia biológica, no todos los estudios han detectado dichas asociaciones. Por ejemplo, ZHENG *et al.* (2013) analizaron la posible relación entre la diversidad genética de cinco marcadores microsatélites y dos componentes de eficacia biológica (peso en el momento del nacimiento y la mortalidad neonatal) en 123 ejemplares ciervos del Padre David (*Elaphurus davidianus*) en el Centro de Investigaciones Ecológicas Beijing Milu. Esta es una especie ya extinta en la naturaleza pero que sobrevive en poblaciones en cautiverio en China. Por lo tanto, es una especie altamente sometida a impactos severos de cuellos de botella y la constante acción de efectos fundadores. Sin embargo, no se encontró ninguna asociación entre los niveles de diversidad genética en las crías nacidas durante seis años consecutivos y los dos parámetros mencionados de eficacia biológica. Anteriormente, ZHENG *et al.* (2007) habían mostrado que las tres manadas reproductivas de esta especie que se han establecido en China (Beijing, Dafeng, y Tianezhou) mediante reintroducciones de 30-40 fundadores poseen una variabilidad genética muy reducida. De hecho, solo se ha detectado un único haplotipo para la región de control mitocondrial y únicamente cinco de 84 microsatélites contrastados resultaron polimórficos. Además, las tres poblaciones mostraron diferencias significativas en cuanto a sus frecuencias alélicas y a las estimaciones de diversos estadísticos de diversidad genética. Los autores concluyeron que la población de Tianezhou es la más adecuada fuente para proporcionar poblaciones de este ciervo en la naturaleza.

SARKISSIAN *et al.* (2015) estimaron que 2 109 ejemplares de caballo de Przewalski vivían en cautiverio, después de su extinción en la naturaleza en los años 1960. Todos esos caballos en cautiverio descienden de una población fundadora de unos 12 caballos salvajes y cuatro caballos domésticos. Los autores secuenciaron el genoma completo de 11 ejemplares que representaron todos los linajes fundadores y cinco ejemplares históricos datados entre 1878-1929. Establecieron que las diferencias genéticas de mayor magnitud entre los caballos de Przewalski y los domésticos tenían que ver con genes relacionados con el metabolismo, características cardíacas, reproducción, contracción muscular, y comportamiento. El siglo de cautiverio del caballo de Przewalski ha reducido sus niveles de heterocigosidad y los diversos ejemplares muestran una cantidad variable de introgresión de alelos procedentes del caballo doméstico (entre el 0 y el 31.1 %).

TOKARSKA *et al.* (2011) analizaron muestras del bisonte europeo (*Bison bonasus*), que se extinguió en la naturaleza hacia 1920. La población en cautiverio contiene dos linajes genéticos diferenciados. Uno que representa, de forma "pura", la subespecie *B. b. bonasus* (Bialowieza) y otro que representa, de forma hibridada, la forma del Cáucaso (*B. b. caucasicus*). El primer linaje fue fundado por siete ejemplares, de los cuales únicamente dos contribuyeron en el 80 % de los genes de los ejemplares actuales. Este linaje muestra niveles de diversidad genética reducidos y con la mitad de heterocigosidad, por ejemplo, en referencia con el bisonte norteamericano (*Bison bison*). Esta población, a pesar de sus elevados niveles de endogamia ( $F = 0.5$ ), no mostró indicios de depresión endogámica. Contrariamente, en el linaje del Cáucaso, pese a tener unos niveles de endogamia inferiores ( $F = 0.28$ ), se observaron efectos adversos de la depresión en-

dogámica. La depresión endogámica se manifiesta por la expresión de genes recesivos letales, semi-letales, o detrimentales debido a los cruzamientos endogámicos.

IYENGAR *et al.* (2007) analizaron la genética del oryx de cuernos de cimitarra (*Oryx dammah*), ya extinta en la naturaleza, pero que presenta un buen número de ejemplares en cautiverio. Se analizaron marcadores microsatélites y secuencias de la región control mitocondrial de ejemplares cautivos en instituciones zoológicas europeas, norteamericanas, y de otros lugares. Los marcadores microsatélites no mostraron una diferenciación marcada entre esas poblaciones, pero la estructura fue mucho más profunda al analizar las secuencias mitocondriales, detectando tres grupos diferenciados que divergieron alrededor de 2.7-2.1 millones de años. También, se detectaron expansiones poblacionales en esta especie hace 1.2 y 0.5 millones de años, respectivamente, lo cual fue correlacionado con cambios climáticos en el norte de África.

Otra especie de oryx que también se extinguió en la naturaleza en 1972, es el oryx de Arabia (*Oryx leucoryx*) del que se han realizado múltiples reintroducciones en su rango original de distribución, especialmente en Omán. EL ALQAMY *et al.* (2012) analizaron diferentes manadas que no han sido manejadas de forma ordenada para la realización de un proyecto de re-introducción de esta especie en los Emiratos Árabes Unidos. El análisis de 13 microsatélites y de secuencias de la región control mitocondrial mostró una reducida variabilidad genética pero con una cierta heterogeneidad moderada entre diferentes manadas que pueden ayudar a establecer grupos de animales para su re-introducción con una cierta diversidad genética.

CAIN *et al.* (2011) estudiaron a otra especie emblemática para la conservación biológica, la comadreja de patas negras (*Mustela nigripes*). Esta especie se extinguió en la naturaleza cuando los últimos 18 ejemplares fueron capturados para hacerlos parte de un programa de cría en cautiverio. Entre 1996 a 1999, se liberaron 146 ejemplares en Dakota del Sur (USA). Los autores analizaron 254 ejemplares capturados entre 2001 y 2003. Las dos poblaciones que se conformaron con la liberación de los 146 individuos presentaron moderados, a bajos, niveles de diversidad genética, pero similares a los de la población fundadora. Esto significa que desde el momento de la fundación la población no ha perdido variabilidad genética, esencial para su supervivencia a mediano plazo. De hecho en esta especie, parece haberse logrado conservar más del 80 % de su variabilidad genética después de más de 25 años del inicio de su programa de conservación (WISELY *et al.*, 2003).

El lobo gris mexicano (*Canis lupus baileyi*), también, está extinto en la naturaleza. HEDRICK *et al.* (1997) aplicaron un conjunto de microsatélites a ejemplares de ese taxón procedentes de las tres poblaciones que existen en cautiverio en México (Certificado, Rancho Fantasma, y Aragón). Encontraron que el linaje Certificado era el que poseía la mayor parte de los alelos fundadores y el nivel de endogamia más limitado. Ninguno de esos tres linajes presentó introgresión, o muestras de hibridación, con perros domésticos o coyotes. La combinación de ejemplares de los tres linajes es importante para evitar efectos de la depresión endogámica. Casi 20 años después de ese artículo, HARDING *et al.* (2016) ponen de manifiesto que todavía no se han podido efectuar liberaciones de lobos mexicanos a pesar de intentar aumentar la diversidad genética de los ejemplares liberados. También, enfatizan que existen otros procesos más urgentes de ser solventados, tales como procesos demográficos, estocásticos, y de relación entre lobos y humanos que pueden ser más importantes para la preservación de este cánido a corto plazo que los propios niveles de diversidad genética.

RUEDA-ZOZAYA *et al.* (2016) mostraron la importancia de caracterizar genéticamente todos los jaguares (*Panthera onca*) que existen en zoológicos mexicanos. Los jaguares cautivos en México se han manejado sin conocer sus atributos genéticos, lo cual puede significar un incremento de la endogamia en esa población con el transcurso del tiempo. Esa caracterización genética debería conciliarse con la información del Studbook para los especímenes cautivos de esa especie. En Colombia (JIMÉNEZ-GONZÁLEZ *et al.*, 2017), también se ha realizado una caracterización genética con microsatélites y ADN mitocondrial de los jaguares cautivos en los principales zoológicos del país para evitar cruzamientos indeseables.

También es importante la creación de bancos de genomas y ADN para preservar muchas especies que podrían extinguirse en los próximos dos o tres siglos. Más de 2 000 especies de vertebrados terrestres podrían correr esa fatídica suerte (SOULÉ *et al.*, 1986). La creación de bancos de genomas, germoplasmas o semillas puede ser decisiva para poder recuperar especies que se extingan en algún momento dado. Un ejemplo es el Frozen Ark (proyecto colaborativo entre la Universidad de Nottingham, el Museo



de Historia Natural de Londres, y la Sociedad Zoológica de Londres) para preservar la diversidad genética de especies animales con elevadas probabilidades de extinción.

### 2.9. Asignación geográfica de especímenes decomisados procedentes de tráfico o caza ilegal

La novena contribución, y es la que trataremos más extensivamente en esta revisión, es la asignación geográfica correcta de individuos concretos, o tejidos, procedentes de decomisos, tráfico o caza ilegal de los mismos. Este tipo de análisis también puede extenderse a grupos de individuos para la identificación correcta de las poblaciones de origen. La identificación y conservación de poblaciones locales genéticamente diferentes es de enorme importancia, porque la conservación de muchas poblaciones diferenciadas ayuda a aumentar el potencial evolutivo de la especie, minimizando el riesgo de extinción (HOBBS & MOONEY, 1998; HILBORN *et al.*, 2003; LUCK *et al.*, 2003). La importancia de proteger unidades intraespecíficas es de tal magnitud que ha sido recogida por el Acta de Especies en peligro de Estados Unidos (ESA) permitiendo la protección completa de Distintos Segmentos Poblacionales (DPS) en diversas especies.

Diferentes tipos de unidades de valor conservativo se han definido al interior de las especies. Para evitar los problemas taxonómicos que pueden implicar las asignaciones de subespecies o razas geográficas, se han creado otros conceptos que en la actualidad se utilizan intensamente. Dos conceptos han alcanzado gran importancia: Las Unidades de Manejo (MUs) y las Unidades Evolutivas Significativas (ESUs) (MORITZ, 1994). Los MUs representan poblaciones con diferencias significativas en sus frecuencias alélicas de marcadores neutrales, causadas por una fuerte restricción en el flujo génico (AVISE, 2000). Generalmente, representan poblaciones con características demográficas diferentes. Por ejemplo, las tasas de crecimiento poblacional dependen de características propias de cada población más que de las tasas de flujo genético entre ellas. Esto implica un manejo diferencial a corto plazo a diferencia del siguiente concepto. Los ESUs implican una mayor divergencia entre las poblaciones de una especie, separando sus rutas evolutivas. Sin embargo, existen diferentes definiciones de ESUs. Desde una perspectiva cronológica, tres de las definiciones más reivindicadas son las proporcionadas por WAPLES (1991), MORITZ (1994) y CRANDALL *et al.* (2000). La primera se basa en dos aspectos diferentes (aislamiento reproductivo y adaptación ecológica). Largo aislamiento reproductivo que conlleva una ruta evolutiva independiente (centenares de generaciones de aislamiento reproductivo) que difícilmente pueda volver hacia atrás, y características ecológicas o evolutivas únicas de modo que cada unidad se transforma en un reservorio de variación morfológica y genética de enorme importancia para la evolución potencial futura. La segunda definición, de naturaleza práctica genético poblacional, afirma que un ESU debería ser recíprocamente monofilético respecto a otros ESUs para secuencias mitocondriales y presentar una heterogeneidad significativa para las frecuencias alélicas de genes nucleares. La tercera definición se fundamenta en el intercambiabilidad ecológica y genética de los individuos. Si los ejemplares de una población pueden trasladarse a otras poblaciones y ocupar los mismos nichos y las mismas funciones ecológicas que los ejemplares originales de esa población, sin mostrar una pérdida de eficacia biológica cuando se cruzan con los individuos autóctonos, entonces se trata de individuos que pertenecen a una misma trayectoria evolutiva. Sin embargo, si la intercambiabilidad no se produce, entonces estamos ante la presencia de ESUs diferentes.

La cuestión es por qué es tan trascendente en términos de conservación biológica identificar el ESU correcto de un animal decomisado procedente del tráfico o caza ilegal. Diferentes ejemplos reportados en la bibliografía pueden ayudar a entender esta problemática. HOULDEN *et al.* (1996) y SEYMOUR *et al.* (2001) mostraron el interesante caso del koala (*Phascolarctos cinereus*) del sureste de Australia. Esta población muestra una baja diversidad genética y la aparición de criptorquidia y aplasia testicular. Sin embargo, las poblaciones de koalas más al norte no presentan esos problemas. La situación es debida a la incorrecta translocación de individuos que se hizo a partir de 1930, cuando esta población se extinguió debido a la caza. Los individuos elegidos procedían de la isla Kangaroo, ubicada en el sur de Australia. Esta población, a su vez, había sido fundada en 1920 con individuos procedentes de otra isla (isla Francesa) que había sido constituida a finales del siglo XIX a partir de dos o tres especímenes. Esto indica que la población de koalas del sureste de Australia procede de tres eventos poderosos de cuello de botella que redujo considerablemente la diversidad genética de esa población, provocando efectos de depresión endogámica evidentes. Si los animales utilizados para

esa repoblación hubieran procedido de la zona más septentrional, la situación actual no se habría dado.

Otros ejemplos que muestran la importancia de la elección correcta de las poblaciones de origen de fauna decomisada, o mal reubicada, tienen que ver con el efecto contrario del caso anterior. GILK *et al.* (2004) mostraron que los cruzamientos de ejemplares de dos poblaciones de una especie de salmón (*Oncorhynchus gorbuscha*) producían descendientes cuya supervivencia en la segunda generación era inferior a la de los ejemplares parentales. La distancia geográfica entre ambas poblaciones es de unos 1 000 km. Esto es debido al efecto de la depresión exogámica. Este fenómeno se da básicamente por dos razones. La primera razón tiene que ver con la peor adaptación genética de los híbridos para sobrevivir en cualquiera de los dos ambientes parentales originales. La segunda razón tiene que ver con la pérdida de interacciones epistáticas positivas. Es frecuente que la interacción de genes múltiples influya en las características de un trazo particular. Cuando esto ocurre se determina la existencia de complejos de genes co-adaptados. La hibridación puede romper esos complejos de genes co-adaptados debido a la recombinación genética entre ejemplares con orígenes genéticos diferentes. Los efectos de la depresión exogámica por ruptura de genes co-adaptados es evidente en la segunda generación donde los efectos de la recombinación genética ya serán evidentes. EDMANDS & DEIMLER (2004) cultivaron diferentes poblaciones de crustáceos copépodos (*Tigriopus californicus*) en diferentes condiciones de salinidad y temperatura. Cuando se obtuvieron híbridos en la primera generación no se detectó ningún descenso en la eficacia biológica de los especímenes criados en diferentes ambientes, pero el efecto en la disminución de la eficacia biológica en la segunda generación fue evidente. Los efectos de la depresión endogámica pueden ser amplificados cuando una de las poblaciones ha sido sometida a intensos periodos de endogamia. ZSCHOKKE & BAUR (2002) mostraron que el cruzamiento de rinocerontes indios (*Rhinoceros unicornis*) procedentes de una población altamente endogámica, que ha pasado por varios cuellos de botella durante principios del siglo XX (Kaziranga), con ejemplares de una población más grande (Chitwan) produjo híbridos con una mayor tasa de mortalidad que la presente en la población altamente endogámica. Seguramente, el largo periodo de endogamia que sufrió la primera población depuró los alelos detrimentales que existían en la población. Eso permitió con el tiempo la aparición de complejos de genes co-adaptados que se perdieron cuando se realizó el programa de cruzamientos con animales de otra población. Situación similar se encontró con el gorrión melódico (*Melospiza melodia*) en Norte América, cuando se cruzaron representantes de una población endogámica nativa de un área y ejemplares inmigrantes (MARR *et al.*, 2002).

También es posible la asignación geográfica correcta de grupos grandes de individuos a sus zonas de origen correctas. SEEB *et al.* (1989) mostraron un caso interesante. Se decomisó en un barco cangrejero una partida de centollo de Alaska (*Paralithodes camtschaticus*) que, supuestamente, según el capitán del barco procedía de una captura en la isla de Adak (Aleutianas). Sin embargo, las autoridades sospechaban que la partida procedía de una zona protegida en la Bahía de Bristol, a una distancia de unos 1.500 km. Se poseían datos genéticos de 13 poblaciones previamente analizadas de ese centollo (14 loci alozimáticos). La comparación de resultados mostró con total fiabilidad que la partida decomisada no procedía de la zona indicada por el capitán del navío. El capitán y el propietario de la embarcación fueron penalizados con una multa de más de medio millón de dólares por cometer una clara violación de pesca.

SERNA (2015) analizó 105 ejemplares de ciervos coliblanco (*Odocoileus virginianus*) en la zona pacífica de México para secuencias de la región control mitocondrial, abarcando ocho subespecies putativas de esa región. Los diversos análisis llevados a cabo mostraron que las subespecies se diferencian adecuadamente utilizando ese marcador molecular, indicando que el 97.1 % de la varianza genética está incluida en las subespecies. Algunas de ellas parecen contener los haplotipos originales (*O. v. acapulcensis* y *O. v. couesi*) de los que derivan los haplotipos de otras subespecies (*O. v. sinaloae*). Este ejemplo claramente correlaciona las subespecies putativas de este ciervo en México con la existencia de ESUs que ameritan planes de conservación específicos.

### 3. MÉTODOS ESTADÍSTICOS PARA LA ASIGNACIÓN POBLACIONAL DE EJEMPLARES PROCEDENTES DE TRÁFICO Y CAZA ILEGAL

#### 3.1. Métodos específicos para asignación a partir de genotipos multilocus y de secuencias nucleotídicas

Existen básicamente tres estrategias estadísticas en los procedimientos de asignación poblacional mediante genotipos multilocus: procedimientos bayesianos (RANNALA & MOUNTAIN, 1997), procedimientos frecuenciales (PAETKAU *et al.*, 1995) y procedimientos de distancias genéticas (p. e. NEI, 1972). Estos análisis de asignación se pueden realizar con simulaciones de re-muestreo (p. e. 10 000 simulaciones) por medio del procedimiento de Monte Carlo. Con algunas de esas técnicas, se puede estimar la posible existencia de migrantes de primera generación tanto con las técnicas bayesianas, frecuenciales, y de distancias genéticas con o sin simulaciones. Para determinar esto, se considera la relación:  $L = L_{\text{home}}/L_{\text{max}}$ . Este es el cociente de la verosimilitud computado de la población, donde el espécimen fue muestreado ( $L_{\text{home}}$ ), respecto al valor máximo de verosimilitud entre todas las poblaciones muestreadas, incluyendo la población donde el individuo fue muestreado ( $L_{\text{max}}$ ) (PAETKAU *et al.*, 2004). Este análisis se puede llevar a cabo con el programa GENECLASS 2 Program (PIRY *et al.*, 2004). Una ventaja de las técnicas de exclusión por simulación es que es aplicable cuando solo una población ha sido muestreada (por ejemplo, la población que se cree que puede ser la fuente de origen). Además, no requiere de la asunción que la verdadera población haya sido muestreada. Contrariamente, las aproximaciones bayesianas (PRITCHARD *et al.*, 2000) y de cocientes de máxima verosimilitud (BANKS & EICHERT, 2000) necesitan que, al menos, dos poblaciones hayan sido caracterizadas, siendo una de ellas la verdadera población de origen. Sin embargo, los procedimientos bayesianos son estadísticamente más poderosos que otros métodos alternativos (MANEL *et al.*, 2002; MAUDET *et al.*, 2002).

Otro análisis para asignaciones efectivas se puede realizar con el programa Structure 2.3 (FALUSH *et al.*, 2007), el cual emplea el procedimiento de las Cadenas de Markov-Monte Carlo y el muestreador de Gibbs, utilizando los genotipos multilocus para inferir estructura poblacional y, simultáneamente, asignar individuos a poblaciones específicas. El modelo considera  $k$  poblaciones, donde  $k$  puede ser desconocido, y los individuos son asignados tentativamente a una población o conjuntamente a dos, o más, poblaciones si los genotipos pudieran ser considerados mezclados procedentes de varias poblaciones. Se pueden realizar dos grupos de análisis. En el primero se considera el modelo de mezcla, donde los individuos pueden tener una ancestría mezclada y un modelo de no mezcla sin información poblacional "a priori" para la formación de los grupos (USEPOPINF = 0). Para determinar el valor más probable del número de poblaciones existentes, se acude al valor menos negativo de los valores de máxima verosimilitud. El segundo grupo de análisis se lleva a cabo con un modelo que incorpora información de los orígenes geográficos de los ejemplares deseados. Esa información puede ser muy importante para la conformación de agrupaciones de datos con estructuración muy débil y para determinar migrantes o detectar poblaciones ligeramente diferentes (USEPOPINF = 1), tanto con modelos de mezcla como de no mezcla. Se deben correr, por ejemplo, un millón de iteraciones, después de un periodo de "burning" (de estabilización) de 100 000 iteraciones para cada análisis. Se deben repetir los análisis, cuando menos, dos veces para determinar que ofrecen resultados convergentes.

Aunque el programa Structure potencialmente puede analizar datos de secuencias nucleotídicas, está mejor diseñado para trabajar con datos genotípicos o de presencia-ausencia, como RAPDs o AFLPs (FALUSH *et al.*, 2007). Existen otros programas más indicados para realizar asignación poblacional con secuencias. Este es el caso, por ejemplo, del programa BAPS 6.0 (CORANDER *et al.*, 2006, 2008), que realiza un análisis bayesiano de la estructura genética de las poblaciones. Estos modelos bayesianos capturan la estructura genético poblacional teniendo en cuenta la variación molecular en cada subpoblación utilizando una distribución de las probabilidades conjuntas por separado para los sitios polimórficos de las secuencias. El modelo de mezcla genética que utiliza BAPS está constituido en aproximaciones muy diferentes al típico modelo de clases latentes que utilizan otros programas. Este modelo de mezcla en BAPS se deriva del uso de nueva teoría de clasificación predictiva bayesiana. Existen otros programas para asignación poblacional con secuencias nucleotídicas, como es el caso de BayesAss+, GENECLUST, PARTITION, STRUCTURAMA, o TESS.

### 3.2. Métodos filogenéticos y filogeográficos que pueden ser utilizados para asignación poblacional

La construcción de árboles filogenéticos con diferentes procedimientos (distancias genéticas con diversos algoritmos para la construcción de árboles, máxima parsimonia, máxima verosimilitud, o inferencia bayesiana) o técnicas multivariantes, como análisis de componentes principales, análisis de coordenadas principales, o análisis factoriales (por ejemplo, con los programas NTSYS o DARwin 6.0), aunque no fueron diseñados originalmente para asignar ejemplares decomisados, pueden servir perfectamente para ese propósito.

Otras técnicas, de naturaleza diferente, pueden ser utilizadas para este hecho. Una de ellas es el análisis de clados anidados (NCA; TEMPLETON, 1998). Esta técnica consiste en tres pasos. El primero de ellos involucra la construcción de una red parsimónica de los alelos, o haplotipos, encontrados de modo que los clados anidados jerárquicamente se puedan identificar (clados ancestrales y clados derivados recientemente). El segundo paso consiste en determinar la existencia de estructura geográfica significativa de los alelos, o haplotipos, dentro de esos clados. El tercer paso consiste en interpretar la causa biológica que provoca la estructuración. Este tercer paso utiliza una lista de claves para determinar que causa ha generado esa estructura. Por ejemplo, en un modelo de aislamiento por distancia, los alelos derivados se localizarán geográficamente en áreas determinadas, mientras que los alelos ancestrales estarán menos localizados geográficamente. Sin embargo, este patrón no es el esperado en una expansión poblacional. Aunque el potencial de esta técnica es muy interesante, ha sido criticada por diversos autores (KNOWLES & MADDISON, 2002), ya que no incorpora error de muestreo, no considera la variación entre loci y, por lo tanto, no cuantifica la probabilidad de cuán correcta es la aproximación filogeográfica realizada.

Otro procedimiento es el implementado por el programa SAMOVA 1.0 (DUPANLOUP *et al.*, 2002) para investigar subdivisión poblacional utilizando un análisis de varianza molecular en un contexto geográfico. Este programa implementa una aproximación para definir grupos de poblaciones que son geográficamente homogéneos y que se diferencian de forma máxima unos de otros. Esto puede permitir la identificación de barreras geográficas entre esos grupos de poblaciones. El método se basa en procedimientos de anidamientos simulados que ayudan a maximizar la proporción de la varianza genética total debido a las diferencias entre grupos de poblaciones. Esta aproximación comienza a partir de los individuos muestreados en las poblaciones locales e indaga todas las posibles combinaciones formando dos o más grupos amplios, intentando identificar la posición más probable de las barreras históricas inferidas.

### 3.3. Análisis genéticos espaciales

Las técnicas de autocorrelación espacial pueden ser de gran ayuda para determinar diferencias genéticas en grupos de poblaciones a través de la geografía e indagar acerca de qué eventos evolutivos han podido determinar esa estructura espacial encontrada (SOKAL & ODEN, 1978a,b). Tradicionalmente, se utilizan el índice I de Moran (MORAN, 1950) y el coeficiente c de Geary (DURBIN & WATSON, 1950). Han surgido multitud de programas informáticos para realizar esos análisis. El programa SAAP 4.3 (WARTENBERG, 1989) fue el pionero para este tipo de análisis. Posteriormente, han surgido otros. Para el caso de marcadores multilocus (microsatélites, por ejemplo), vale la pena citar algunos de ellos. El programa SGS 1.0d (DEGEN *et al.*, 2001) permite utilizar diferentes tipos de marcadores genéticos y, además, de generar correlogramas, puede obtener distogramas (DEGEN & SCHOLZ, 1998; VENDRAMIN *et al.*, 1999) con distancias genéticas como la de GREGORIUS (1978). La significancia de los coeficientes de autocorrelación, correlogramas y distogramas se infiere mediante 1 000 simulaciones de Monte Carlo (MANLY, 1997), estimando, además, el intervalo de confianza al 95 % de los coeficientes estimados (STREIFF *et al.*, 1998). Otro programa interesante es SPAIDA (PÁLSSON, 2004) que calcula los referidos estadísticos de Moran y de Geary teniendo en consideración diferentes modelos mutacionales (Modelo Mutacional de Alelos Infinitos, IAM; y Modelo Mutacional de Pasos, SMM). La significación de los coeficientes de autocorrelación de cada clase de distancia se evalúa con 1 000 permutaciones. Un tercer programa para estos menesteres es SPAGeDi 1.4 (HARDY & VEKEMANS, 2002). Este programa, además de estimar los estadísticos de MORAN y Geary, puede estimar otros estadísticos diferentes como el coeficiente de relación de QUELLER & GOODNIGHT (1989), la distancia entre individuos de ROUSSET (2000), y el coeficiente de correlación de pares con tamaños alé-

licos (STREIFF *et al.*, 1998). Las probabilidades se calculan con estimadores de “jackknife” teniendo en cuenta los loci y 5 000 permutaciones al azar para las copias de alelos. Sin embargo, para el estudio de la estructura espacial empleando secuencias nucleotídicas existen otros procedimientos interesantes a detallar.

Para la aplicación de autocorrelación espacial con secuencias nucleotídicas se puede utilizar el estadístico *Ay* (MILLER, 2005). *Ay* puede interpretarse como el promedio de la distancia genética entre pares de individuos que están en una clase de distancia determinada. *Ay* toma el valor de 0 cuando todos los individuos de una clase de distancia son genéticamente idénticos y toma el valor de 1 cuando todos los individuos dentro de una clase de distancia determinada son completamente disimilares. La probabilidad de cada clase de distancia se obtiene con 1 000 permutaciones. Este análisis se puede realizar con el programa AIS (MILLER, 2005).

Otra técnica de autocorrelación espacial para secuencias es el procedimiento AIDA (BERTORELLE & BARBUJANI, 1995) que emplea los estadísticos *I* y *cc*, que son los equivalentes a los estadísticos de Moran y Geary. A diferencia del caso anterior, este es un procedimiento para analizar poblaciones, más que individuos. Para conectar las poblaciones que correspondan dentro de cada clase de distancia se puede utilizar la red de GABRIEL-SOKAL (GABRIEL & SOKAL, 1969; MATULA & SOKAL, 1980; RUIZ-GARCÍA, 1993, 1994, 1997), o la triangulación de DeLaunay con la eliminación de ejes mayores (RIPLEY, 1981; UPTON & FINGLETON, 1985; ISAAKS & SRIVASTAVA, 1989). Para estimar la significancia estadística de los coeficientes de autocorrelación se puede utilizar el test de Bonferro-ni (ODEN, 1984).

Para visualizar la estructura genética de los datos en una perspectiva tridimensional, se puede utilizar un Análisis de Interpolación de Paisajes Genéticos (GLIA) por medio del procedimiento de las distancias ponderadas inversas (MILLER, 2005).

Un procedimiento que puede proporcionar resultados interesantes en la detección de áreas geográficas que contengan características genéticas específicas es el algoritmo de MONMONIER (1973). Este procedimiento de regionalización geográfica se utiliza para detectar localizaciones de barreras putativas al flujo génico mediante identificación iterativa de conjuntos de distancias genéticas elevadas y contiguas en las redes de conectividad (DOUPANLOUP *et al.*, 2002; MANEL *et al.*, 2003; MANNI *et al.*, 2004). Se puede utilizar la triangulación de DeLaunay (WATSON, 1992; BROUNS *et al.*, 2003) para generar la red de conectividad entre los puntos muestreados. Una representación gráfica de las supuestas barreras geográficas inferidas por el algoritmo se sobre-impone a la red de conectividad para detectar con facilidad las discontinuidades genéticas presentes en los datos. El investigador elige cuáles son las barreras geográficas más importantes que se encuentran en los datos objetos de estudio.

Un análisis bayesiano que permite, sobre un mapa, detectar los diferentes acervos genéticos que existen en el interior de una especie puede realizarse con el programa Geneland 1.0.7 en paquete R (GUILLOT *et al.*, 2005). Se pueden correr los datos 10 veces para determinar si el número *k* (número de agrupaciones en los datos) es el mismo, oscilando este valor *k* entre 1 y 15 poblaciones diferentes. La corrida con los valores más elevados de máxima verosimilitud es la que se utiliza para determinar sobre un mapa cuantos acervos genéticos diferentes se dan en el caso objeto de estudio.

#### 4. ¿QUÉ EJEMPLARES DE MAMÍFEROS PROCEDENTES DEL DECOMISO PUEDEN SER ASIGNADOS GEOGRÁFICAMENTE EN COLOMBIA, EN PARTICULAR, Y EN LATINOAMÉRICA, EN GENERAL?

En esta sección se hace una revisión de las especies de mamíferos que típicamente son decomisados por parte de las autoridades colombianas (Secretaría Distrital de Ambiente en Bogotá-SDA, Policía Ambiental, Corporaciones Autónomas Regionales, etc), y que potencialmente también lo pueden ser en otros países latinoamericanos, y de los que ya se posee un banco de datos genéticos (o de los que en breve estarán disponibles) que permite la asignación geográfica de ejemplares, o productos derivados, procedente del tráfico y caza ilegal. Desde 2008, buena parte de la fauna de mamíferos decomisada en Bogotá, y en otras regiones de Colombia, ha sido asignada geográficamente a partir del banco de datos genéticos generado que se comenta en las siguientes páginas.

Es importante aclarar que existen trabajos filogenéticos publicados con algunos grupos de mamíferos de interés, pero, sin embargo, no serán citados en la presente revisión por el siguiente motivo. Muchos de esos trabajos han incluido una, o muy pocas secuencias, por especie analizada. Eso es debido al hecho que esos trabajos están

interesados en reconstruir las relaciones filogenéticas entre especies. Por lo tanto, son trabajos útiles para la identificación de especies. Sin embargo, el interés de la presente revisión es la asignación geográfica de especímenes dentro de especies ya reconocidas. En consideración, los trabajos tenidos en cuenta han sido aquellos de naturaleza genético poblacional que han producido una gran cantidad de secuencias de ejemplares de una misma especie en diversas regiones geográficas, donde esa especie se distribuye.

Aquí se expone un resumen detallado, centrado en dos categorías básicas de especies. En primer lugar se comentan los casos reconocidos hasta la fecha de especies donde la asignación poblacional ya es posible porque existe una buena cantidad de resultados moleculares con los que poder contrastar especímenes traficados o cazados ilegalmente. En segundo lugar, se comentan aquellos taxones de los que no se dispone de ninguna información molecular, o es muy restringida, para el territorio colombiano, pero poseen un fuerte potencial de tráfico y caza ilegal en el citado país. Igualmente, se comentan, en este último caso, la existencia de bancos de datos moleculares para esas especies en otros países del entorno latinoamericano. En la Tabla I, se muestra el listado de especies de mamíferos silvestres de los que ya se dispone de un banco de datos genético para su correcta asignación poblacional en territorio colombiano, al igual que un listado de especies de mamíferos de los que todavía no se dispone de un banco de datos genéticos en ese mismo país, pero los cuales se están constituyendo y se espera tenerlos disponibles en un año.

Tabla I. Listado de órdenes, familias, y especies de mamíferos que se decomisan frecuentemente en Colombia. Se muestran las especies de las que ya se posee un banco genético para asignación poblacional. También se muestran las especies de las que no se dispone todavía de un banco de datos genéticos, pero se está en vías de conseguirlo en un futuro cercano.

Taxones de mamíferos decomisables en Colombia	Órdenes	Familias	Especies		
Mamíferos de los que ya existen bancos de datos genéticos para correcta asignación poblacional en Colombia	Primates	Cebidae	Todas las formas de <i>Cebus</i> Todas las formas de <i>Saimiri</i> Todas las formas de <i>Aotus</i> Algunas especies de <i>Saguinus</i> ( <i>S. leucopus</i> , <i>S. oedipus</i> , <i>S. geoffroyi</i> )		
		Atelidae	Todas las formas de <i>Alouatta</i> Todas las formas de <i>Ateles</i> Todas las formas de <i>Lagothrix</i>		
	Carnivora	Felidae	<i>Panthera onca</i> <i>Puma concolor</i> <i>Puma yagouaroundi</i> <i>Leopardus pardalis</i> <i>Leopardus wiedii</i> <i>Leopardus tigrinus</i>		
			Canidae	<i>Urocyon cinereoargenteus</i> <i>Cerdocyon thous</i> <i>Atelocynus microtis</i> <i>Speothos venaticus</i>	
				Mustelidae	<i>Lontra longicaudis</i> <i>Pteronura brasiliensis</i> <i>Eira barbara</i>
					Mephitidae
			Ursidae	<i>Tremarctos ornatus</i>	
			Procyonidae	<i>Potos flavus</i> <i>Nasua nasua</i> <i>Nasua narica</i> <i>Nasuella olivácea</i>	
	Pilosa	Bradypodidae	<i>Bradypus variegatus</i>		
		Megalonychidae	<i>Choloepus hoffmanni</i> <i>Choloepus didactylus</i>		
Rodentia	Hydrochoridae	<i>Hydrochoerus hydrochoeris</i>			
	Cuniculidae	<i>Cuniculus paca</i>			

Taxones de mamíferos decomisables en Colombia	Órdenes	Familias	Especies
		Dasyproctidae	<i>Dasyprocta punctata</i> <i>Dasyprocta fuliginosa</i>
		Perossidactyla	Tapiridae <i>Tapirus terrestris</i> <i>Tapirus pinchaque</i> <i>Tapirus bairdii</i>
	Cetoartiodactyla	Tayassuidae	<i>Pecari tajacu</i> <i>Tayassu pecari</i> <i>Odocoileus virginianus</i>
		Cervidae	<i>Mazama americana</i> <i>Mazama Rufina</i>
		Iniidae	<i>Inia geoffrensis</i>
		Delphinidae	<i>Sotalia fluviatilis</i>
	Mamíferos de los que no se dispone un banco de datos genéticos para asignación geográfica en Colombia, pero que se está trabajando para obtenerlas en un breve plazo	Primates	Cebidae
Pitheciidae			<i>Pithecia</i> <i>Cacajao</i>
Carnivora	Mustelidae	<i>Mustela frenata</i> <i>Galictis vittata</i>	
	Procyonidae	<i>Procyon cancrivorus</i> Algunas especies de <i>Bassaricyon</i>	
Pilosa	Mymercophagidae	<i>Tamandua mexicana</i> <i>Tamandua tetradactyla</i> <i>Mymercophaga tridactyla</i> <i>Cyclopes didactylus</i>	
Cingulata	Dasypodidae	<i>Dasybus novemcinctus</i> <i>Priodontes maximus</i>	
Rodentia	Cuniculidae	<i>Cuniculus taczanowski</i>	
		Especies de <i>Myoprocta</i>	
	Dynomidae	<i>Dynomis branickii</i>	
	Erethizontidae	Diversas especies de <i>Coendu</i>	
	Sciuridae	Diversas especies de los géneros <i>Microsciurus</i> , <i>Sciurillus</i> , <i>Syntheosciurus</i> , <i>Guerlinguetus</i> , <i>Hadrosociurus</i> , <i>Notosciurus</i> , y <i>Simosciurus</i>	
Didelphimorpha	Didelphidae	<i>Gloria venusta</i> <i>Chironectes minimus</i> <i>Didelphis marsupialis</i> <i>Didelphis pernigra</i> <i>Lutreolina crassicaudatus</i> <i>Metachirus nudicaudatus</i> <i>Philander andersoni</i> <i>Philander mondolfi</i> <i>Philander opossum</i>	

En la actualidad hemos constituido un banco de datos genéticos para la asignación de ejemplares, o tejidos, decomisados procedentes de tráfico o caza ilegal para las especies que han sido citadas en esta sección, especialmente, para Colombia, pero también puede ser útil para otros países latinoamericanos. Este banco de datos (denominado Gen-y-Libertad) está en una aplicación web llamada CosAna Cosinor Analysis. El enlace ("link") correspondiente puede ser proporcionado por el autor de esta revisión previa solicitud (mruizgar@yahoo.es; mruiz@javeriana.edu.co), especialmente para las personas, o instituciones, interesadas en asignar geográficamente ejemplares decomisados y que tienen la necesidad de ser re-enviados a sus zonas geográficas de origen. En la Tabla II, se muestran los órdenes, familias, especies, genes nucleares y mitocondriales, número de secuencias disponibles y países de procedencia que componen ese banco de datos genéticos.

Tabla II. Información del banco de datos genéticos (Gen-y-Libertad) que puede utilizarse para la asignación geográfica de ejemplares decomisados procedentes del tráfico y caza ilegal de mamíferos silvestres de mediano y gran porte en Colombia y en otros países latinoamericanos. El enlace y acceso a ese banco de datos pueden solicitarse a M. RUIZ-GARCÍA (mruizgar@yahoo.es o mruiz@javeriana.edu.co). N = Número de ejemplares analizados.

Orden	Familia	Especies	Genes nucleares	Genes mitocondriales	N	Países
Primates	Cebidae	<i>Cebus albifrons</i>	9 microsátelites	16 genes: <i>D-loop</i> , <i>12S rRNA</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND1</i> , <i>ND2</i> , <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>ATP8</i> , <i>ATP6</i> , <i>COIII</i> , <i>ND3</i> , <i>ND4L</i> , <i>ND4</i> , <i>ND5</i> , <i>ND6</i> , <i>Cyt-b</i>	510	Colombia, Venezuela, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Trinidad & Tobago
		<i>Cebus capucinus</i>	9 microsátelites	16 genes: <i>D-loop</i> , <i>12S rRNA</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND1</i> , <i>ND2</i> , <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>ATP8</i> , <i>ATP6</i> , <i>COIII</i> , <i>ND3</i> , <i>ND4L</i> , <i>ND4</i> , <i>ND5</i> , <i>ND6</i> , <i>Cyt-b</i>	156	Guatemala, Honduras, Nicaragua, Costa Rica, Panamá, Colombia
		<i>Cebus (Sapajus) aella</i> y otros capuchinos robustos	9 microsátelites	16 genes: <i>D-loop</i> , <i>12S rRNA</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND1</i> , <i>ND2</i> , <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>ATP8</i> , <i>ATP6</i> , <i>COIII</i> , <i>ND3</i> , <i>ND4L</i> , <i>ND4</i> , <i>ND5</i> , <i>ND6</i> , <i>Cyt-b</i>	144	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Guyana Francesa, Brasil, Argentina
		<i>Saimiri</i> (todos los taxones)	No	2 genes: <i>COI</i> , <i>COII</i>	333	Costa Rica, Panamá, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Guyana Francesa, Brasil
		<i>Aotus</i> (todos los taxones)	12 microsátelites	1 gen: <i>COII</i>	224	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
		<i>Saguinos leucopus</i>	10 microsátelites	1 gen: <i>COII</i>	135	Colombia
		Atelidae		<i>Lagothrix</i> (todos los taxones)	No	2 genes: <i>COI</i> , <i>COII</i>
<i>Ateles</i> (todos los taxones)	6 microsátelites			3 genes: <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>Cyt-b</i>	346	México, Guatemala, Belice, Guatemala, Honduras, Nicaragua, Costa Rica, Panamá, Colombia, Venezuela, Ecuador, Perú, Bolivia, Guyana Francesa, Brasil
<i>Alouatta</i> (mayor parte de los taxones)	No			6 genes: <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND4</i> , <i>ND5</i> , <i>ND6</i>	156	México, Guatemala, Belice, Guatemala, Honduras, Nicaragua, Costa Rica, Panamá, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Guyana Francesa, Brasil
Carnivora	Felidae	<i>Panthera onca</i>	12 microsátelites	3 genes: <i>ATP8</i> , <i>6S rRNA</i> , <i>ND5</i>	157	Guatemala, Costa Rica, Panamá, Colombia, Venezuela, Guyana Francesa, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil
		<i>Puma concolor</i>	6 microsátelites	3 genes: <i>ATP8</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND5</i>	184	Colombia, Venezuela, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Chile, Argentina



Orden	Familia	Especies	Genes nucleares	Genes mitocondriales	N	Países
		<i>Puma yagouaroundi</i>	No	3 genes: <i>ATP8</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND5</i>	80	México, Guatemala, Costa Rica, Panamá, Colombia, Venezuela, Guyana Francesa, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
		<i>Leopardus pardalis</i>	10 microsatélites	3 genes: <i>ATP8</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND5</i>	309	Costa Rica, Panamá, Colombia, Venezuela, Trinidad & Tobago, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
		<i>Leopardus wiedii</i>	No	3 genes: <i>ATP8</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND5</i>	118	México, Guatemala, Nicaragua, Costa Rica, Panamá, Colombia, Guyana Francesa, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil
		<i>Leopardus tigrinus</i>	6 microsatélites	3 genes: <i>ATP8</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND5</i>	41	Costa Rica, Colombia, Venezuela, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Argentina
		<i>Leopardus colocolo</i>	5 microsatélites	1 gen: <i>D-loop</i>	235	Perú, Bolivia, Chile, Argentina
		<i>Leopardus jacobita</i>	7 microsatélites	1 gen: <i>D-loop</i>	115	Perú, Bolivia, Argentina
	Canidae	<i>Lycalopex</i> (todas las especies)	No	3 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i>	207	Ecuador, Perú, Bolivia, Chile, Argentina, Brasil
		<i>Cerdocyon thous</i>	No	3 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i>	180	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
		<i>Urocyon cinereoargenteus</i>	No	3 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i>	45	México, Guatemala, Honduras, El Salvador, Costa Rica, Panamá, Colombia
		<i>Atelocynus microtis</i>	No	3 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i>	25	Colombia, Perú, Ecuador, Bolivia
		<i>Speothos venaticus</i>	No	3 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i>	15	Colombia, Ecuador, Perú, Guyana Francesa
	Mustelidae	<i>Lontra longicaudis</i>	No	3 genes: <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>Cyt-b</i>	70	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay
		<i>Pteronura brasiliensis</i>	No	3 genes: <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>Cyt-b</i>	45	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay
		<i>Eira barbara</i>	No	3 genes: <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>Cyt-b</i>	115	Panamá, Colombia, Trinidad & Tobago, Guyana Francesa, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
	Mephitidae	<i>Conepatus semistriatus</i> y <i>Conepatus chinga</i>	No	3 genes: <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>Cyt-b</i>	159	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia
	Ursidae	<i>Tremarctos ornatus</i>	9 microsatélites	5 genes: <i>D-loop</i> , <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>ND5</i> , <i>12S rRNA</i>	402	Colombia, Venezuela, Ecuador, Perú, Bolivia
	Procyonidae	<i>Potos flavus</i>	No	3 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i>	140	México, Guatemala, Honduras, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia

Orden	Familia	Especies	Genes nucleares	Genes mitocondriales	N	Países
		<i>Procyon lotor</i>	No	3 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i>	50	México, Guatemala, Honduras, El Salvador, Nicaragua, Costa Rica, Panamá
		<i>Procyon cancrivorus</i>	No	3 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i>	116	Colombia, Trinidad & Tobago, Guyana Francesa, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
		<i>Nasua nasua</i>	No	4 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i> , <i>COI</i>	506	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
		<i>Nasua narica</i>	No	4 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i> , <i>COI</i>	101	México, Belice, Guatemala, Honduras, El Salvador, Nicaragua, Costa Rica, Panamá, Colombia, Ecuador
		<i>Nasuella olivacea</i>	No	4 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i> , <i>COI</i>	65	Colombia, Ecuador, Perú
		<i>Bassaracyon</i> (diferentes taxones)	No	4 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i> , <i>COI</i>	27	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia
	Otaridae	<i>Otaria flavescens</i> , y diferentes especies de <i>Arctocephalus</i> y <i>Zalophus</i>	No	4 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i> , <i>ND5</i> , <i>COI</i>	665	Ecuador, Perú, Chile, Argentina, Uruguay
Pilosa	Bradipodidae	<i>Bradypus variegatus</i>	No	2 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i>	163	Panamá, Colombia, Venezuela, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil
	Megalonychidae	<i>Choloepus didactylus</i> y <i>Choloepus hoffmanni</i>	No	2 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i>	111	Panamá, Colombia, Venezuela, Surinam, Guyana Francesa, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil
Rodentia	Hydrochoridae	<i>Hydrochoerus hydrochoeris</i>	No	2 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i>	78	Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia Brasil
	Cuniculidae	<i>Cuniculus paca</i>	No	2 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i>	120	Panamá, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil
	Dasyproctidae	<i>Dasyprocta punctata</i> y <i>Dasyprocta fuliginosa</i>	No	2 genes: <i>D-loop</i> , <i>Cyt-b</i>	216	Guatemala, Honduras, El Salvador, Costa Rica, Panamá, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil
Perissodactyla	Tapiridae	<i>Tapirus terrestris</i>	No	15 genes: <i>12S rRNA</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND1</i> , <i>ND2</i> , <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>ATP8</i> , <i>ATP6</i> , <i>COIII</i> , <i>ND3</i> , <i>ND4L</i> , <i>ND4</i> , <i>ND5</i> , <i>ND6</i> , <i>Cyt-b</i>	314	Colombia, Venezuela, Surinam, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
		<i>Tapirus pinchaque</i>	No	15 genes: <i>12S rRNA</i> , <i>16S rRNA</i> , <i>ND1</i> , <i>ND2</i> , <i>COI</i> , <i>COII</i> , <i>ATP8</i> , <i>ATP6</i> , <i>COIII</i> , <i>ND3</i> , <i>ND4L</i> , <i>ND4</i> , <i>ND5</i> , <i>ND6</i> , <i>Cyt-b</i>	55	Colombia, Ecuador

Orden	Familia	Especies	Genes nucleares	Genes mitocondriales	N	Países
		<i>Tapirus bairdii</i>	No	15 genes: 12S rRNA, 16S rRNA, ND1, ND2, COI, COII, ATP8, ATP6, COIII, ND3, ND4L, ND4, ND5, ND6, Cyt-b	28	México, Belice, Guatemala, Honduras, Costa Rica, Panamá, Colombia
Cetartiodactyla	Tayassuidae	<i>Pecari tajacu</i>	3 micro-satélites	1 gen: D-loop	1036	México, Guatemala, Belice, Honduras, El Salvador, Costa Rica, Panamá, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
		<i>Tayassu pecari</i>	3 micro-satélites	1 gen: D-loop	115	México, Guatemala, Belice, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
	Cervidae	<i>Odocoileus virginianus</i>	16 micro-satélites	2 genes: D-loop, Cyt-b	355	México, Guatemala, Belice, Honduras, El Salvador, Costa Rica, Panamá, Colombia, Ecuador, Perú
		<i>Mazama</i> (diferentes taxones)	16 micro-satélites	2 genes: D-loop, Cyt-b	416	México, Guatemala, Costa Rica, Panamá, Colombia, Venezuela, Guyana Francesa, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Argentina
	Iniidae	<i>Inia</i> sp	10 micro-satélites, 6 intrones autosómicos, 4 intrones de cromosoma Y, secuencias exón 2 HLA DQBI	4 genes: D-loop, Cyt-b, COI, COII	235	Colombia, Venezuela, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil
	Delphinidae	<i>Sotalia flaviatilis</i> y <i>Sotalia guianensis</i>	10 micro-satélites	1 gen: D-loop	113	Colombia, Perú, Brasil

#### 4.1. Taxones de mamíferos neotropicales de los que ya se dispone de un banco de datos genéticos que permiten su asignación geográfica

##### 4.1.1. Orden Primates Linnaeus, 1758

Familias *Cebidae* Bonaparte, 1831, *Atelidae* Gray, 1825, y *Pitheciidae* Mivart, 1865. El primer precedente de asignación geográfica para especies de primates decomisados en Latinoamérica fue publicado por RUIZ-GARCÍA *et al.* (2010a), donde se mostró de forma sistematizada que las secuencias de un gen mt *COII* fueron útiles para la reubicación de primates decomisados por la SDA durante ese año en Colombia.

Existe una considerable cantidad de géneros y especies de primates neotropicales, de los que es posible determinar sus orígenes geográficos con relativa facilidad y exactitud. Estos son los diferentes taxones del género *Cebus* Erxleben, 1777 (incluyendo *Sapajus* Kerr, 1792), los diferentes taxones de *Saimiri* Voigt, 1831, las diferentes especies de *Aotus* Illiger, 1811, las diferentes subespecies de *Lagothrix lagotricha* Geoffroy, 1812 en todo su rango de distribución (*L. l. cana* Geoffroy, 1812, *L. l. lagotricha* Humboldt, 1812, *L.*

*I. lugens* Elliot, 1907, *L. l. poeppigii* Schinz, 1844 y la presunta nueva subespecie, *L. l. tschudii* Pucheran, 1857), diferentes especies y poblaciones de *Ateles* Geoffroy, 1806, diferentes subespecies y especies de *Alouatta* Lacépède 1799, diferentes especies de *Saguinus* Hoffmannsegg, 1807, incluyendo diversas poblaciones de *Saguinus leucopus* Günther, 1877 en su rango de distribución en Colombia (RUIZ-GARCÍA, 2005; RUIZ-GARCÍA & ALVAREZ, 2003; RUIZ-GARCÍA & PINEDO, 2010; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2006a, 2007b, 2010b, 2011, 2012a,b,c, 2014a, b, 2015a, 2016a,b,c,d,e,f,g, 2017a,b,c,d).

En el caso de *Cebus albifrons* Humboldt, 1812 se han analizado cerca de 500 muestras que representan las 13 subespecies morfológicas propuestas por HERSHKOVITZ (1949). Se han analizado secuencias de 10 diferentes genes mitocondriales, pero dos de ellos parecen tener una alta señal filogenética (mt *COI* y *COII*). Las secuencias de esos dos últimos genes muestran tres agrupaciones bien definidas en la zona norte de Colombia: *C. a. malitonus* Elliot, 1909, *C. a. versicolor-pleei-cesarae* (PUCHERAN, 1845; HERSHKOVITZ, 1949) and *adustus-leucocephalus* (HERSHKOVITZ, 1949; GRAY, 1865). Cada uno de esos grupos fue originado, al menos, por tres migraciones independientes procedentes de diferentes grupos amazónicos de esta especie. Como mínimo, se detectaron cinco grupos de *C. albifrons* originales de la Amazonía y de los Llanos Orientales colombianos (I, II, III, IV, and V) en el estudio de RUIZ-GARCÍA *et al.* (2010b). En realidad, se han detectado más grupos en estudios más recientes (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017b), especialmente en áreas de Ecuador y Perú.

En muchas localidades amazónicas, algunos de estos grupos viven en simpatria debido, probablemente, a expansiones poblacionales posteriores a sus respectivas formaciones. En Ecuador, donde tradicionalmente se consideró la existencia de dos subespecies morfológicas bien definidas (*C. albifrons yuracus* Hershkovitz, 1949 y *C. albifrons aequatorialis* Allen, 1914), la situación es mucho más compleja existiendo múltiples haplogrupos diferentes, especialmente en el área amazónica, donde esos haplogrupos se sobrepone geográficamente. Esto muestra que, la correcta asignación geográfica de ejemplares de esta especie decomisados en ese país, solo se puede hacer correctamente utilizando marcadores moleculares ya que las diferencias fenotípicas no muestran la cantidad de linajes molecularmente diferenciados que han evolucionado en la Amazonía ecuatoriana.

La asignación molecular de los ejemplares decomisados en Colombia de esta especie es especialmente útil ya que en este país es donde se encuentra la mayor variedad de poblaciones sub-específicas fragmentadas en el rango de distribución de la especie. En Bogotá (Colombia), los análisis moleculares revelan el decomiso de animales que proceden del valle del Magdalena, costa Atlántica, los santanderes, la región del Arauca y del Vichada, al igual que de la Amazonía (en menor grado).

RUIZ-GARCÍA *et al.* (2012a) analizaron ejemplares de *C. capucinus* Linnaeus, 1758 procedentes de la frontera entre Guatemala y Belice, Costa Rica, y ocho departamentos de Colombia (Antioquia, Chocó, Sucre, Bolívar, Córdoba, Magdalena, Cauca, y Valle del Cauca) mediante haplotipos del gen mt *COII* donde se encontraron tres linajes significativamente diferentes en Colombia. Estos viven simpátricamente en muchos de los departamentos colombianos estudiados. Un cuarto haplogrupo diferenciado procedió de una zona muy restringida cercana a Buenaventura. Todos los haplogrupos presentaron elevados niveles de diversidad genética, pareciendo el haplogrupo III el más ancestral de todos ellos. El segundo haplogrupo colombiano parece haber estado en el origen del único gran haplogrupo mitocondrial encontrado en Centro América. Estos datos moleculares no parecen diferenciar claramente las dos subespecies morfológicas tradicionalmente reconocidas para Centro América (*C. capucinus limitaneus* Hollister, 1914 y *C. capucinus imitator* Thomas, 1903). El haplogrupo centro americano mostró menor diversidad genética que los haplogrupos mitocondriales colombianos. Más recientemente, un estudio con microsatélites (RUIZ-GARCÍA & CASTILLO, 2016) mostró una dinámica similar a la de los genes mitocondriales. La adición de más secuencias mitocondriales de ejemplares muestreados en Panamá, Nicaragua y Honduras (unas 170 muestras y las secuencias de 10 genes mitocondriales) han ayudado a concretar el panorama genético de esta especie trans-andina. Todos los haplogrupos registrados mostraron evidencias de expansiones poblacionales probablemente durante el Pleistoceno. Debido a la elevada simpatria de los tres haplogrupos principales en Colombia no resulta particularmente simple la asignación de animales decomisados a zonas geográficas especialmente restrictivas.

El caso de los capuchinos robustos (algunos autores los sitúan en el género *Sapajus*, aunque RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2016c aportaron datos concluyentes en favor del uso del género *Cebus* para estos taxones) es extremadamente interesante ya que represen-

ta un grupo de primates que se ha expandido considerablemente en los últimos 400 000 años, colonizando extensas áreas geográficas con biotopos altamente diferenciados (LYNCH-ALFARO *et al.*, 2012; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2016c). Esto ha producido una multiplicidad de formas y fenotipos, muy llamativos, pero con una diferenciación molecular escasa, lo que generalmente ha complicado las clasificaciones que se han realizado tradicionalmente con este grupo. RUIZ-GARCÍA *et al.* (2012c) determinó, al utilizar el marcador mt *COII*, dos taxones diferenciables pero altamente relacionados entre sí al norte del río Amazonas, *C. apella apella* Linnaeus, 1758 y *C. apella fatuellus* Linnaeus, 1766. *C. a. apella* tiene distribución desde la Guyana francesa hasta, al menos, la orilla derecha del río Negro en la Amazonía brasileña, mientras que *C. a. fatuellus* se distribuye a través del Amazonas venezolano y colombiano, Llanos orientales colombianos y zona superior del valle del Magdalena en Colombia. Este estudio también determinó otros dos taxones de *C. apella* al sur del río Amazonas, *C. apella macrocephalus* Spix, 1823 y *C. apella cay* Fisher, 1829. *C. a. macrocephalus* posee su distribución en la parte occidental y sur-occidental del Amazonas, mientras que *C. a. cay* tiene su distribución más al sur por fuera del rango amazónico. El taxón *C. a. macrocephalus* está ampliamente distribuido y es indistinguible molecularmente de otras subespecies de *C. apella* que supuestamente viven en esa amplia zona (*C. a. maranonis* Pusch, 1941, *C. a. peruanus* Thomas, 1901, y *C. a. pallidus* Gray, 1866). Molecularmente otras formas de capuchinos robustos en el sur de su distribución (Argentina y Brasil) y en la zona atlántica del Brasil son diferenciadas de *Cebus apella*, siendo los casos de *Cebus nigrinus* Goldfuss, 1809 y *Cebus xanthosternus* Wied-Neuwied, 1826. La muestra del estudio de RUIZ-GARCÍA *et al.* (2012c) fue relativamente pequeña (49 individuos); sin embargo, al aumentar el tamaño muestral a unos 150 ejemplares para 10 genes mitocondriales se obtuvieron básicamente los mismos resultados. En Colombia, la mayor parte de los ejemplares analizados corresponden al taxón, *C. a. fatuellus*. Solo un par de ejemplares muestreados muy cercanos al río Amazonas han mostrado características genéticas de *C. a. macrocephalus*. No se descarta que hayan sido trasladados al lado norte del río Amazonas por acción humana reciente.

También el estudio de RUIZ-GARCÍA *et al.* (2015a) con los monos ardillas del género *Saimiri*, incluyendo todos los taxones reconocidos morfológicamente, permite una asignación muy exacta de los individuos decomisados de este grupo. Para ello se secuenciaron 2. 237 pares de bases de los genes mt *COI* y *COII* en 218 ejemplares de este género. Ese estudio detectó 17 grupos diferentes de *Saimiri*: *S. albigena* Pusch, 1942, *S. cassiquiarensis* Lesson, 1840, cinco grupos polifiléticos de *S. macrodon* Elliot, 1907, tres grupos polifiléticos de *S. ustus* Geoffroy 1843, *S. sciureus* Linnaeus, 1758, *S. collinsi* Osgood, 1916, *S. boliviensis* Geoffroy & Blainville, 1834, *S. peruvensis* HERSHKOVITZ, 1984, *S. vanzolinii* Ayres, 1985, *S. oerstedi* Reinhardt, 1872 y *S. citrinellus* Thomas, 1904. En algunos de esos grupos se encontraron casos de posibles hibridaciones recientes, al igual que eventos de introgresión mitocondrial histórica. Esos casos se detectaron en los grupos *albigena*, entre diferentes linajes de *macrodon* y *peruvensis* y entre *sciureus* y *collinsi*. La diversificación de los taxones actuales de *Saimiri* parece haber comenzado hace alrededor de 1.5 millones de años, lo cual sugiere una alta asociación con cambios climáticos, geológicos e hidrológicos durante el Pleistoceno. La inmensa mayoría de los animales decomisados en Bogotá (Colombia) corresponden al taxón *albigena* y a dos de los grupos de *macrodon* procedentes del río Putumayo y del río Amazonas.

Uno de los grupos de Primates Neotropicales que más problemas ofrece para la asignación geográfica correcta de ejemplares decomisados es el de los monos nocturnos del género *Aotus* (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2011; 2012b; 2016d), debido a su fuerte homogeneidad fenotípica. El último de estos trabajos utilizó 38 mediciones craneométricas en 80 individuos representando ocho taxones de *Aotus*, 12 marcadores microsatélites nucleares aplicados a 143 ejemplares representando siete taxones del género y secuencias del gen mt *COII* analizando 190 especímenes para los 13 taxones reconocidos hasta la fecha en este género. El análisis con las secuencias mitocondriales fue el que relevó un mayor poder de discriminación de los taxones del género. Todas las formas al norte del río Amazonas (*A. vociferans* Spix, 1823, *A. brumbacki* HERSHKOVITZ, 1983, *A. jorgehernandezii* Defler & Bueno, 2007, *A. griseimembra* Elliot, 1912, *A. lemurinus* Geoffroy, 1843 y *A. zonalis*, GOLDMAN, 1914) están molecularmente muy relacionadas y poco diferenciadas (con la excepción de *Aotus trivirgatus*, Humboldt, 1811). Dos formas al sur del río Amazonas se diferencian de todos los otros taxones, aun cuando están más relacionados con las formas al norte que con las formas al sur del mencionado río. Estos son los casos de *Aotus nancymae* HERSHKOVITZ, 1983 y *Aotus miconax* Thomas, 1927. *Aotus trivirgatus* y los restantes taxones al sur del río Amazonas (*A. nigriceps* Dollman, 1909, *A. azarae* Humboldt, 1811, *A. boliviensis* Elliot, 1907, y *A. infulatus* Kuhl, 1820) forman otro

grupo claramente diferenciado con el marcador mt *COII*. Este grupo meridional posee una diferenciación molecular más elevada que el grupo al norte del Amazonas y los individuos decomisados son más fácilmente asignables que los individuos localizados al norte del Amazonas, aun cuando en estos últimos la diferenciación cariotípica es considerablemente mayor que en los taxones meridionales. Por lo tanto, en algunos casos, para una correcta asignación de ejemplares de *Aotus* en Colombia sería indispensable un análisis cariotípico complementario a los análisis moleculares. En Bogotá, los ejemplares decomisados más frecuentemente corresponden a los taxones *A. griseimembra* y *A. brumbacki*. En Leticia (Amazonía colombiana), los resultados moleculares claramente han puesto de manifiesto el tráfico ilegal de *A. nancymae* desde Perú y Brasil hacia Colombia, donde no está presente de forma natural (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2012b), ya que este taxón y *A. vociferans* (siendo este taxón el natural de la orilla colombiana del río Amazonas) son fácilmente diferenciables con secuencias mitocondriales sin necesidad de análisis cariotípicos.

Entre las especies de primates neotropicales amenazados en mayor grado por la presión humana directa (cacería para consumo de su carne, carne de monte) e indirecta (destrucción del hábitat) están los taxones de mayor porte físico (8-12 kg de peso). Entre ellos destaca el género *Lagothrix* (mono lanudo de Humboldt). Cuatro trabajos moleculares (RUIZ-GARCÍA & PINEDO-CASTRO, 2010; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2014, 2017c, d) con 166 ejemplares representando todos los taxones morfológicos reconocidos, permiten una asignación correcta de cualquier ejemplar de ese género mediante los genes mt *COI* y *COII*. El endemismo peruano, dado por extinto y redescubierto en 1974 (MITTERMEIER *et al.*, 1975, 1977), *Lagothrix flavicauda* Humboldt, 1812, mostró secuencias claramente diferenciables de los demás taxones de *Lagothrix*. Esta especie peruana presentó una diversidad genética nula, lo cual coincide con su situación de conservación crítica (posiblemente menos de 250 ejemplares en la naturaleza). Los marcadores moleculares discriminaron perfectamente los especímenes de las subespecies *L. l. lugens*, *L. l. lagotricha*, *L. l. poeppigii*, y *L. l. cana*, aunque se detectaron casos de hibridaciones recientes e introgresión histórica entre ejemplares de tres de esos taxones, *L. l. lugens*, *L. l. lagotricha*, y *L. l. poeppigii*.

Los resultados obtenidos en esos estudios mostraron que *L. l. poeppigii* y *L. l. lugens* fueron los taxones que mostraron mayor diversidad genética. El primero por ser uno de los taxones que primero se diversificó en el interior de la especie y el segundo porque el taxón se ha fragmentado en diversas y pequeñas poblaciones entre las cordilleras andinas colombianas, siendo muchas de esas poblaciones de tamaño muy pequeño y fuertemente afectadas por deriva genética, fijándose en ellas haplotipos diferentes. Al reunir las en una única muestra eso incrementa substancialmente su diversidad genética. Los taxones *L. l. poeppigii* y *L. l. lagotricha* fueron aquellos que mostraron mayores expansiones poblacionales durante el Pleistoceno. Por el contrario, *L. l. lugens* mostró un cierto decrecimiento poblacional en los últimos 25 000 años. Al igual que en el caso de *L. flavicauda*, RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017c) estudiaron, por primera vez, 10 ejemplares de un taxón (*tschudii*) que no fue considerado por FOODEN (1963), aunque sí por GROVES (2001) pero como parte de la supuesta especie, *Lagothrix cana*, y que se distribuye por las montañas del sur de Perú y norte de Bolivia (WALLACE & PAINTER, 1999). Los resultados moleculares obtenidos revelaron a este taxón como una quinta subespecie válida, *L. lagotricha tschudii*. La diversificación mitocondrial en el interior de *L. l. tschudii* se originó entre 0.99-0.88 millones de años y, al igual, que el otro taxón andino de *L. lagotricha* (*L. l. lugens*) experimentó un cierto descenso poblacional en las hembras en los últimos 10 000-20 000 años, probablemente por influencia del último gran pico glacial de la cuarta gran glaciación pleistocénica. También, RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017d) mostraron que al interior de *L. l. poeppigii* no existe estructura espacial que se corresponda con la posible existencia de taxones válidos tal como fue reivindicado por GROVES (2001), *L. p. castelnaui* Geoffroy & Deville, 1848. Eso significa que en territorio peruano, y en la mayor parte del territorio ecuatoriano, los animales decomisados podrían ser liberados sin problemas, al menos, en lo que respecta a consideraciones genéticas. Sin embargo, se localizó una pequeña fracción del territorio ecuatoriano, en la provincia de Morona-Santiago, donde existe una población con una leve diferenciación molecular (distancia genética entre 0.8-1.2 %) y, también, fenotípica. En Bogotá (Colombia), la mayor parte de los ejemplares decomisados pertenecen a *L. l. lugens*.

En el caso del género *Ateles* se analizaron un conjunto de seis microsátelites nucleares y tres genes mitocondriales (*Cyt-b*, *COI* y *COII*) para 325 ejemplares, siendo ésta la mayor muestra analizada desde una perspectiva genética para este género (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2006a, 2016g). Todos los taxones mostraron elevados niveles de diversidad

genética mitocondrial, con la excepción de *Ateles paniscus* Linnaeus, 1758. *Ateles hybridus* Geoffroy, 1829, ubicado en la zona norte de Colombia, parte media-baja de la cuenca del río Magdalena y zona occidental de Venezuela, mostró un bajo nivel de diversidad genética para los marcadores microsátélites pero mostró unos niveles relativamente elevados de diversidad genética para los genes mitocondriales. Para ambos tipos de marcadores moleculares se detectó la existencia de hibridación entre los taxones *A. hybridus* y *A. fusciceps* Gray, 1866, aun cuando fenotípicamente ambos taxones son claramente diferenciables. Los resultados moleculares obtenidos soportan la existencia de dos o tres especies de monos arañas, a lo sumo (*A. paniscus*, *A. belzebuth* Geoffroy, 1806, y *A. geoffroyi* Kuhl, 1820), a diferencia de lo que los primatólogos consideran a partir de patrones de coloración del pelaje y de la distribución geográfica, o interpretaciones tipológicas de datos moleculares (al menos siete especies).

En cuanto al género *Alouatta* (monos aulladores), diversos estudios han permitido obtener un profuso banco de secuencias genéticas que permiten una buena asignación de los ejemplares decomisados (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2016f, 2017a). Se poseen secuencias de 156 especímenes de diversas especies de este género analizadas para 5 744 pares de bases de nueve genes mitocondriales. Un resultado importante fue el generado para ejemplares de *Alouatta palliata* centro-americanos y de la zona trans-Andina de Colombia y Ecuador. No se encontraron diferencias muy relevantes entre individuos de diferentes taxones putativos, como son *A. palliata palliata* Gray, 1849, *A. palliata aequatorialis* Festa, 1903, *A. coibensis coibensis* Thomas, 1902, y *A. coibensis trabeata* Lawrence, 1933. Tampoco se reportaron diferencias espaciales considerables entre ejemplares de *A. p. palliata* muestreados en Costa Rica, Nicaragua y Honduras. El taxón más diferenciado en el interior de *A. p. palliata* fue *A. p. mexicana* (distancia genética: 1.6-2.1 %). Por todo ello, se sugiere la existencia de dos subespecies bien diferenciables desde una perspectiva morfológica y molecular en *A. palliata*, *A. p. palliata* y *A. p. mexicana*. Los ejemplares colombianos y ecuatorianos de *A. palliata* no parecen especialmente diferenciados de *A. p. palliata*. El otro taxón ubicado en Centro-América, *A. pigra* Lawrence, 1933, tradicionalmente considerada una subespecie de *A. palliata*, es una especie plenamente diferenciada de ésta tal como demuestran CORTÉS-ORTIZ *et al.* (2003) y RUIZ-GARCÍA *et al.* (2016f, 2017a), con una separación temporal de sus ancestros en torno a los 3.6-3.7 millones de años.

En Sudamérica, todos los monos aulladores de pelaje rojo fueron tradicionalmente clasificados como *Alouatta seniculus* Linnaeus, 1766. Sin embargo, aunque existe una fuerte similitud morfológica entre las diversas poblaciones de aulladores rojos en toda Sudamérica, los resultados moleculares diferencian perfectamente varios taxones, que han sido elevados al estatus de especies. Este es el caso de *Alouatta sara* Elliot, 1910 (sur de Perú y Bolivia) y *Alouatta macconnelli* Linnaeus, 1766 (área de las Guayanas). Incluso, la población de aulladores rojos de la isla caribeña de Trinidad es claramente diferenciable, mediante secuencias mitocondriales, de otros taxones de aulladores rojos, pudiendo, incluso, constituir una nueva especie (*Alouatta insularis* Tate, 1939) (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017a). Esas mismas secuencias mitocondriales permiten diferenciar adecuadamente ejemplares de aulladores rojos (*Alouatta seniculus*) decomisados en diferentes regiones geográficas de Colombia, Ecuador y Perú.

Una especie de tití endémica de Colombia, *Saguinus leucopus*, fue, en el estudio de RUIZ-GARCÍA *et al.* (2010a), la especie de primate más decomisada en Bogotá en el año 2010 (51.13 % de los casos). Por ello se analizaron 115 individuos de *S. leucopus* de cuatro departamentos colombianos (Antioquia, Bolívar, Caldas y Tolima), para 701 pares de bases del gen mt *COII* y para 10 loci microsátélites nucleares (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2014a). Esta especie endémica colombiana mostró una elevada diversidad genética, a pesar de tener una distribución geográfica muy restringida. Las secuencias mitocondriales no mostraron una clara estructura geográfica para los haplotipos obtenidos, aunque sí mostraron una clara evidencia de una expansión demográfica de las hembras durante el Pleistoceno (1.6-0.6 millones de años). Sin embargo, los marcadores microsátélites nucleares detectaron dos acervos genéticos diferenciados, uno en la zona norte de la distribución (departamento de Antioquia) y otro en la zona más meridional de la distribución (departamento de Tolima). Estos marcadores nucleares, al igual que las secuencias mitocondriales, detectaron una fuerte expansión poblacional para esta especie. La mayor parte de los animales decomisados en Bogotá procedieron del departamento del Tolima.

Contrariamente a lo comentado para los taxones y géneros de primates de los que se posee una abundante cantidad de evidencia molecular para poder asignar adecuadamente ejemplares decomisados, existen otros grupos de primates en Colombia

donde la asignación poblacional es difícil de llevar a cabo porque no existe un banco de datos genéticos contra el cual contrastar los resultados de posibles ejemplares decomisados. Este es el caso de otros géneros, como *Pithecia* Desmarest, 1804 y *Callicebus* Thomas, 1903, aunque el fenotipo de algunos ejemplares está restringido a zonas geográficas concretas y eso puede ayudar a la ubicación de potenciales especímenes decomisados hasta que se genere un banco genético de referencia. Otras especies, como *Cebuella pygmaea* Spix, 1823, *Callimico goeldi* Thomas, 1904, y *Cacajao melanocephalus* Humboldt, 1812, viven en zonas muy restringidas de Colombia, por lo que no resulta difícil reubicar esos ejemplares en las zonas geográficas de origen.

#### 4.1.2. Orden Carnívora Bowdich, 1821

*Familia Felidae Fischer de Waldheim, 1817.* En Colombia, y en parte de los países latinoamericanos circundantes, existen, al menos, seis especies de felinos bien diferenciadas, siendo el caso del jaguar, puma, jaguarundi, ocelote, margay, y tigrillo. Aunque los felinos silvestres no son taxones de una frecuencia elevada de decomisos de ejemplares vivos en Colombia, si resultan cazados por inconvenientes con los humanos, y sus pieles o garras si se pueden traficar con frecuencia. Además, son animales muy emblemáticos y, por lo tanto, posibles liberaciones pueden tener una importante repercusión social.

En el caso del jaguar (*Panthera onca* Linnaeus, 1758) existe poca estructura espacial en Colombia y, también, en la mayor parte de su distribución geográfica (RUIZ-GARCÍA, 2001; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2006b, 2007b, 2013a, 2017e), tanto al analizar 12 marcadores microsatélites nucleares, como dos conjuntos de datos mitocondriales (un conjunto de tres genes mitocondriales, *ATP8*, *16s rRNA*, y *ND5*; y un conjunto de datos mitogenómicos). Dentro de las subespecies morfológicas propuestas para el territorio colombiano, *P. o. onca* y *P. o. centralis* Mearns, 1901, se han detectado ciertos pequeños grupos con elevada afinidad genética en áreas geográficas muy restringidas, lo que significa que pueden existir ciertas pequeñas agrupaciones geográficas pero que no tienen correspondencia con las subespecies morfológicas tradicionalmente definidas. Por ejemplo, se ha detectado un grupo de jaguares en los departamentos del Cauca y del Valle del Cauca que han podido ser discriminados de jaguares muestreados a través de toda Colombia. RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017e) secuenciaron 157 jaguares correspondientes putativamente a cinco de las ocho subespecies propuestas a partir de rasgos morfológicos (*P. o. onca*, *P. o. centralis*, *P. o. GOLDMANI* Mearns, 1901, *P. o. peruviana* de Blainville, 1843, y *P. o. paraguensis* Hollister, 1914). Ese estudio no incluyó ejemplares de las subespecies más norteñas de su distribución en México y sur de USA (*P. o. arizonensis* GOLDMAN, 1912, *P. o. hernandesii* Gray, 1857, y *P. o. veraecrucis* Nelson & GOLDMAN, 1933). El citado estudio no reveló una clara monofilia recíproca entre las supuestas subespecies morfológicas, con la excepción de los dos ejemplares de *P. o. paraguensis*. En algunos análisis, los pocos ejemplares analizados de *P. o. GOLDMANI* procedentes de Guatemala también presentaron cierta diferenciación. Las supuestas cinco subespecies morfológicas estudiadas, como mucho, podrían ser clasificadas en tres subespecies con las secuencias mitocondriales analizadas (*P. o. GOLDMANI*, *P. o. onca*, *P. o. paraguensis*). Por lo tanto, esos datos mitocondriales permitirían diferenciar básicamente jaguares procedentes de la zona centro-americana, al menos, de Guatemala, y ejemplares procedentes de la zona más meridional de su distribución, al menos en el Paraguay. En el resto de la distribución geográfica del jaguar, entre esas dos zonas extremas comentadas, no existiría una clara capacidad de asignar correctamente los jaguares decomisados. Los datos aportados por EIZIRIK *et al.* (2001, 2008), HAAG *et al.* (2010), VALDEZ *et al.* (2015), y WULTSCH *et al.* (2016) también son importantes para la posible asignación poblacional de ejemplares de jaguares en diferentes partes de Latino América.

En el caso del puma (*Puma concolor* Linnaeus, 1771), RUIZ-GARCÍA *et al.* (2009), utilizando seis microsatélites nucleares y RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017f), utilizando los tres genes mitocondriales ya citados para el jaguar, mostraron que en la zona norte-centro occidental de Sudamérica existe un único acervo genético para esta especie a pesar que, tradicionalmente, para los pumas se han definido hasta 32 putativas subespecies morfológicas (CABRERA, 1963; YOUNG & GOLDMAN, 1946). Esos dos estudios moleculares concuerdan con el trabajo de CULVER *et al.* (2000). En este último estudio se validaron molecularmente únicamente seis posibles subespecies para todo el rango de distribución del puma. Para la zona de Venezuela, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia y zona occidental de la Amazonía brasileña, solo se detectó un acervo genético que correspondería a *P. c. concolor*. Los animales decomisados en Colombia, por tanto desde el



punto de vista genético, podrían ser translocados en cualquier área del país donde las condiciones sean adecuadas.

El jaguarundí (*Puma yagouroundi* Geoffroy Saint Hilaire, 1803), pese a ser una especie relativamente abundante en algunas áreas de Latinoamérica, ha sido la especie felina peor estudiada desde una perspectiva genético poblacional molecular en esta zona del mundo (RUIZ-GARCÍA & PINEDO-CASTRO, 2013; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017i). El análisis de 80 ejemplares (tres genes mitocondriales) y 56 ejemplares (mitogenómica) (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017i) representando siete de las ocho subespecies morfológicamente reconocidas (*P. y. tolteca* Thomas, 1898, *P. y. fossata* Mearns, 1901, *P. y. panamensis* ALLEN, 1904, *P. y. melanthro* Thomas, 1914, *P. y. yagouroundi* Thomas, 1920, *P. y. eyra* Fischer, 1814, y *P. y. ameghinoi* Holmberg, 1898) mostró poca diferenciación genética en amplias áreas geográficas de Latino América. Como ocurrió en algunas especies de felinos precedentes, el número de diferentes agrupaciones moleculares significativas no concordó en muchos casos con las subespecies morfológicas aceptadas. Se detectaron dos grupos que se correspondieron a supuestas subespecies morfológicas. Estos fueron los casos de *P. y. melanthro* (área central de los Andes peruanos y sus valles interandinos; departamentos de Huánuco y Junín) y *P. y. eyra* (Paraguay y centro-norte de Argentina). También se detectaron algunos grupos geográficos muy restringidos en el seno de la supuesta subespecie *P. y. panamensis*, especialmente, un pequeño clado en la zona del departamento del Cesar (Colombia). El resto de la población de jaguarundí pertenecería a un único taxón (*P. y. yagouroundi*) ampliamente distribuido.

Uno de los felinos, que potencialmente tiene más posibilidades de ser decomisado en Latino América, es el ocelote (*Leopardus pardalis* Linnaeus, 1758). RUIZ-GARCÍA *et al.* (2007b, 2013b, 2017g) han explorado profusamente las características genéticas de esta especie. En el último trabajo citado, se analizaron 309 ocelotes para tres genes mitocondriales representando seis de las 10 subespecies morfológicas tradicionalmente consideradas (*L. p. melanura* Ball, 1844, *L. p. pseudopardalis* Boitard, 1842, *L. p. aequatorialis* Mearns, 1903, *L. p. pusaeus* Thomas, 1914, *L. p. mitis* Cuvier, 1820, y *L. p. steinbachi* Pocock, 1941). Los resultados de ese trabajo mostraron que, en el ocelote, la capacidad de asignar correctamente ejemplares decomisados es más elevada que en otras especies de felinos neotropicales. De hecho, varias de las subespecies morfológicamente definidas tienen correspondencia con los resultados moleculares. Este es el caso de *L. p. mitis* (zona suroccidental de Brasil y Bolivia), *L. p. steinbachi* (Bolivia), y *L. p. pusaeus* (zona pacífica de Ecuador). En el rango de distribución de las otras supuestas subespecies, se encontraron algunos grupos geográficos significativos pero con relaciones polifiléticas entre ellos. Por ejemplo, en el caso de *L. p. aequatorialis*, los resultados mitocondriales distinguen claramente dos grupos polifiléticos bien definidos. Uno de ellos más relacionado al grupo pacífico ecuatoriano (*L. p. pusaeus*) y cuyos ejemplares son básicamente procedentes de la zona norte y pacífica de Colombia y otro altamente diferenciado procedente de la zona centro-norte de Panamá. Ello permitiría resucitar la antigua definición para la población panameña, *L. p. mearnsi* ALLEN, 1904, que fue absorbida como un sinónimo de *L. p. aequatorialis* (MURRAY & GADNER, 1998) y esta última denominación exclusiva para la población trans-andina colombiana. Por lo tanto, el análisis molecular del ocelote es vital para la correcta asignación de ejemplares decomisados. Los trabajos de EIZIRIK *et al.* (1998), JANECKA *et al.* (2007, 2008, 2014), FIGUEIREDO *et al.* (2015), y WULTSCH *et al.* (2016) han generado datos importantes para posible asignación poblacional de ejemplares de esta especie en determinadas áreas geográficas del sur de los Estados Unidos y otras áreas de Latino América.

Por el contrario, en el caso del margay (*Leopardus wiedii* Schinz, 1821), aunque es la especie hermana del ocelote, la asignación poblacional es muy problemática. EIZIRIK *et al.* (1998) y RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017h) detectaron muy elevados niveles de diversidad genética en esta especie y muy poca estructura genética espacial. En el último trabajo citado, se analizaron 118 muestras de margays representando siete de las 10 subespecies morfológicamente reconocidas (*L. w. glauculus* Thomas, 1903, *L. w. salvinia* Pocock, 1941, *L. w. nicaraguae* ALLEN, 1919, *L. w. pirrensis* Goldman, 1914, *L. w. amazonica* Cabrera, 1917, *L. w. vicens* Thomas, 1904 y *L. w. boliviae*, Pocock, 1941) para los tres genes mitocondriales comentados. Solo ciertos análisis revelaron una discreta diferenciación de *L. w. salvinia* (Guatemala) y de *L. w. vicens* (zona de la Guyana francesa hacia la desembocadura del río Amazonas). Para las restantes supuestas subespecies morfológicas putativas no se encontraron grupos monofiléticos y los diversos haplotipos resultaron totalmente entremezclados en los análisis filogenéticos. Por ejemplo, los ejemplares procedentes de Bolivia formaron tres agrupaciones conspicuas, pero polifiléticas entre sí. Esos análisis pusieron de manifiesto que esas presuntas siete subespecies morfológicas podrían

constituir, a lo sumo, tres taxones diferentes (*L. w. glaucula*, *L. w. salvinia* y *L. w. vicens*). Por lo tanto, la posible asignación geográfica del margay en Colombia resulta compleja.

El caso del tigrillo (“a priori” *Leopardus tigrinus* Schreber, 1775) es extremadamente complejo y, en la actualidad, la capacidad de asignación correcta muy menguada como resultado de esa complejidad. Utilizando la nomenclatura tradicional, en el área andina únicamente existiría un taxón de tigrillo (*L. t. pardinoides* Gray 1867). Sin embargo, dos trabajos (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017j, k), con dos conjuntos de datos mitocondriales (41 ejemplares para tres genes ya referenciados y 18 ejemplares para mitocondriales), mostraron que, realmente, el tigrillo andino puede representar un complejo de especies bien diferenciadas y que han sido tradicionalmente confundidas por ser pequeños felinos manchados muy variables en su pelaje, difíciles de poder ser observados en la naturaleza y, por consiguiente, obtener potenciales muestras de ellos. Los resultados moleculares con el primer conjunto de datos posibilitan proponer, al menos, de cuatro a seis especies diferentes en el área andina de Venezuela, Colombia, Ecuador, Perú y Bolivia haciendo un uso estricto de la diferenciación filogenética de especie (CRACRAFT, 1983).

El análisis con mitogenómica también detectó, al menos, cuatro o cinco posibles especies diferentes, incluyendo una nueva especie altamente diferenciada, tanto a nivel morfológico como molecular, presente en el sur de Colombia (departamento de Nariño) y norte de Ecuador. También se detectó una intensa hibridación, o introgresión histórica, de algunos tigrillos andinos con margays y ocelotes, lo cual complica mucho más la asignación geográfica correcta. TRIGO *et al.* (2008, 2013, 2014) también detectaron una intensa hibridación entre el tigrillo del sur de Brasil (*Leopardus guttulus* Hensel, 1872) y el gato de Geoffroy (*Leopardus geoffroyi* d’Orbigny & Gervais, 1844), e introgresión histórica más antigua entre las poblaciones de tigrillos del norte de Brasil con el gato de pajonal (*Leopardus colocolo* MOLINA, 1872). Solo un exhaustivo análisis molecular de más muestras de tigrillos andinos, incluyendo el análisis de marcadores nucleares (cromosomas X e Y, al igual que autosómicos), podría resolver la asignación correcta de presuntos tigrillos decomisados.

Aunque no se encuentran en territorio colombiano, otras dos especies de pequeños felinos manchados, el gato andino (*Leopardus jacobita* Cornalia, 1865) y el gato de pajonal (*Leopardus colocolo*) (esta especie es probable que alcance el departamento de Nariño en la zona sur de Colombia) han sido intensamente estudiadas a nivel molecular en Perú, Bolivia y Argentina, creándose un extenso banco de secuencias mitocondriales y genotipificación de microsátélites que permite una muy buena asignación geográfica de ejemplares traficados o cazados ilegalmente (COSSIOS *et al.*, 2009, 2012; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2013c). También en Chile se ha generado una buena cantidad de secuencias para esas dos especies que permiten una correcta asignación en ese país austral (NAPOLITANO *et al.*, 2008). En el mismo país, se da la presencia del más pequeño felino latinoamericano, la guigna o kod-kod (*Leopardus guigna* MOLINA, 1872), del cual también se ha generado una amplia base de datos moleculares en Chile que pueden ser de utilidad para asignación geográfica (NAPOLITANO *et al.*, 2013, 2014).

*Familia Canidae Fischer, 1817.* RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017l) analizaron una extensa muestra de especímenes (167 ejemplares) de todos los taxones descritos del zorro sudamericano del género *Lycalopex* Burmeister, 1854 para la región control mitocondrial (*D-loop*) y los genes mt *Cyt-b* y *ND5*, con muestras procedentes de Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Argentina y Chile. Para la especie que posee una distribución geográfica más amplia, *Lycalopex culpaeus* MOLINA, 1782, se detectaron dos acervos genéticos bien diferenciados. Por un lado, todos los ejemplares de origen ecuatoriano, peruano, boliviano y norte de Argentina forman un grupo muy homogéneo (correspondería a la subespecie morfológica tradicional, *L. c. reissi* Osgood, 1914). Presuntamente, la pequeña población de zorros de este género que habita en el departamento de Nariño, al sur de Colombia correspondería a este haplogrupo. Por otro lado, se detectó un segundo haplogrupo con ejemplares de Chile y sur de Argentina (*L. c. culpaeus*) bien diferenciado del primero. Ese trabajo también arrojó interesantes conclusiones de la especie *L. sechurae* Thomas, 1900, que se encuentra en la zona pacífica de Perú y sur de Ecuador, y que conforma una población genéticamente única y la detección de hibridación reciente (más probable), o separación incompleta de linajes mitocondriales por especiación reciente (menos probable) entre *L. culpaeus* y *L. gymnocercus* Fischer, 1814 (en Bolivia) y *L. culpaeus* y *L. griseus* Gray, 1837 (en Chile). El trabajo de TCHAIKA *et al.* (2016) hace una contribución de enorme importancia ya que aporta secuencias de la región de control mitocondrial de 118 ejemplares pertenecientes a las seis especies de este género. Para

Chile, se han generado resultados de secuencias importantes para la especie endémica, *Lycalopex fulvipes* Martin, 1837 (YAHNKE *et al.*, 1996; VILÁ *et al.*, 2004; D'ELIA *et al.*, 2013).

Otros taxones de zorros neotropicales no cuentan en la actualidad, al menos para el territorio colombiano, con publicaciones que proporcionen un banco de datos para poder realizar asignación geográfica de ejemplares traficados y cazados ilegalmente. Sin embargo, aunque no esos resultados no han sido publicados, ya se dispone de un banco genético para el citado propósito con las siguientes especies (RUIZ-GARCÍA *et al.*, no publicado): *Cerdocyon thous* Linnaeus, 1766 (muestras que abarcan toda la distribución geográfica en todo el territorio sudamericano), *Urocyon cinereoargenteus* Schreber, 1775 (muestras que se extienden por el norte de Colombia, Centro-América, y México), al igual que para las especies *Atelocynus microtis* Sclater, 1883 y *Speothos venaticus* Lund, 1842, aunque de ellas el número de muestras para una correcta asignación poblacional es considerablemente menor. Para *C. thous*, el trabajo de TCHAICKA *et al.* (2007) aporta datos importantes para la asignación de ejemplares de esa especie.

*Familia Mustelidae Fischer, 1817.* Las dos especies de nutrias presentes en Colombia (*Lontra longicaudis* Olfers, 1818 y *Pteronura brasiliensis* Gmelin, 1788), y en buena parte de los países sudamericanos, disponen de estudios moleculares extensos que permiten correctamente su asignación poblacional de posibles ejemplares decomisados. En el área de Colombia y la Amazonía occidental, incluyendo la zona de los Llanos Orientales, los trabajos de THOISY *et al.* (2013) (*P. brasiliensis*), CABALLERO *et al.* (2015) (*P. brasiliensis*) y RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017II) (*L. longicaudis* y *P. brasiliensis*) con diversos tipos de marcadores mitocondriales proporcionan un buen banco de contraste genético. El último trabajo mostró que ninguna de las dos especies presenta acervos genéticos diferenciados entre la Amazonía y Orinoquía colombianas. La única excepción la constituiría la población de la zona norte de la Orinoquía colombiana (Arauca) que constituye un haplogrupo bien diferenciado del resto de haplogrupos de *P. brasiliensis* en toda su distribución en Sudamérica. Esto último está bien corroborado por los estudios de CABALLERO *et al.* (2015) y RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017II). En un ámbito geográfico más amplio otras poblaciones de *P. brasiliensis*, y más parcialmente de *L. longicaudis*, en el sur de Perú, en la zona de los rápidos de la cuenca de los ríos Mamoré-Beni-Madeira, o en la cuenca del río Paraguay-Paraná, son diferenciables molecularmente (PICKLES *et al.*, 2011; TRINCA *et al.*, 2012).

Otro mustélido del que se dispone amplia información genética para ser cotejada con la de individuos decomisados es la taira (*Eira barbara* Linnaeus, 1758). RUIZ-GARCÍA *et al.* (2013d, 2017m) analizaron el marcador mitocondrial ND5, además del inicio de la obtención de mitogenomas para esa especie. Las 100 muestras analizadas representan seis de las siete subespecies reconocidas para esta especie en Latinoamérica (*E. b. inserta* ALLEN, 1908, *E. b. sinuensis* Humboldt, 1812, *E. b. poliocephala* Traill, 1821, *E. b. peruana* Tschudi, 1844, *E. b. madeirensis* Lönnberg, 1913, y *E. b. barbara*). La forma del sur de Centro América (*E. b. inserta*) se distinguió significativamente de todas las formas sudamericanas. Se detectaron, al menos, cuatro haplogrupos en Sudamérica que comenzaron su diversificación durante la última fase del Plioceno (3.7-2.5 millones de años). Esos cuatro linajes se situaron en el norte de Colombia (departamentos de Antioquia y Cesar), en Bolivia y noroeste de Argentina, centro-norte de Perú y en la zona pacífica de Ecuador. Existe otro linaje más reciente que se expandió durante el Pleistoceno por toda Sudamérica y que pudo entrar en simpatria con esos cuatro núcleos originales. Si se produjo hibridación (lo cual únicamente podrá ser revelado por el análisis de secuencias nucleares), las seis subespecies morfológicas consideradas podrían representar tan solo dos taxones (*E. b. inserta* y *E. b. barbara*). Por el contrario, si hubo nula o poca hibridación entre esos haplogrupos regionales y el haplogrupo ampliamente extendido por toda Sudamérica durante el Pleistoceno, el número de potenciales subespecies podría incrementarse. La población del norte de Colombia podría corresponderse con *E. b. sinuensis* y la del centro-norte de Perú con *E. b. peruana*. Siguiendo ese razonamiento, la población de Bolivia y noroeste de Argentina podría constituirse en una nueva subespecie (tentativamente *E. b. saltensis*) y la población pacífica del Ecuador tentativamente como *E. b. aequatorialis*.

Otras dos especies de mustélidos que, en breve, engrosarán la lista de especies a las que se les podrá realizar una asignación poblacional adecuada en territorio colombiano, y en países cercanos, son *Galictis vittata* Schreber, 1776 y *Mustela frenata* Lichtenstein, 1831.

*Familia Mephitidae Bonaparte 1845.* En el momento actual se han generado un amplio abanico de secuencias mitocondriales para dos especies de zorrinos del género Co-

*nepatus* Gray, 1837, *C. semistriatus* Boddaert, 1785 y *C. chinga* MOLINA, 1782 (RUIZ-GARCÍA *et al.*, no publicado). Sin embargo, no se disponen de resultados para otras especies de este género, siendo los casos de *C. leuconotus* Lichtenstein, 1832 y *C. humboldtii* Gray, 1837, además de otros géneros de mefitidos, *Mephitis* Geoffroy Saint-Hilare & Cuvier, 1795 y *Spilogale* Gray, 1865.

*Familia Ursidae Fischer de Waldheim, 1817.* La única especie de oso en el neotrópico, el oso de anteojos (*Tremarctos ornatus* Cuvier, 1825) ha mostrado resultados interesantes para poder asignar geográficamente a individuos cazados o decomisados. Se ha generado una gran cantidad de resultados moleculares con microsatélites y ADN mitocondrial para especímenes de los cinco países donde se encuentran poblaciones estables y contrastadas de esta especie (Venezuela, Colombia, Ecuador, Perú y Bolivia). Diferentes estudios (RUIZ-GARCÍA, 2003, 2013; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2003, 2005) muestran que los microsatélites poseen una muy elevada capacidad de discriminar individuos de esta especie en diversas zonas geográficas. Igualmente, los datos preliminares de secuencias mitocondriales (RUIZ-GARCÍA, 2013) diferencian ejemplares de los Andes del Norte de especímenes del sur del Perú y Bolivia. Esta es una especie que parece vivir en poblaciones altamente fragmentadas desde la perspectiva genética, aunque la diferenciación de los haplotipos mitocondriales es pequeña porque, probablemente, su diversificación, al menos, en los Andes del Norte parece bastante reciente. Con la combinación de esos dos tipos de marcadores se han realizado buenas asignaciones en Colombia y Ecuador para esta especie.

*Familia Procyonidae Gray, 1825.* Una interesante cantidad de muestras de kinkajú (*Potos flavus* Schreber, 1774) (140 ejemplares) han sido secuenciadas para un buen número de genes mitocondriales (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017n) mostrando la existencia de siete haplogrupos altamente diferenciados en la zona de Centro América, Colombia, Ecuador, Perú y Bolivia (Centro América; centro y norte de Colombia; pequeños grupos en los Llanos Orientales; norte de Colombia y pacífico colombiano y ecuatoriano; centro del área andina y amazónica del Perú; Amazonía colombiana, ecuatoriana y del norte del Perú; y zona andina boliviana-Cochabamba). Tradicionalmente, se han considerado ocho subespecies morfológicas de kinkajú, algunas de las cuales parecen corresponderse con las agrupaciones moleculares detectadas. En principio, se analizaron ejemplares de cinco de las subespecies morfológicas consideradas (*P. f. chapadensis* ALLEN, 1904, *P. f. megalotus* Martin, 1836, *P. f. meridensis* Thomas, 1902, *P. f. modestus* Thomas, 1902, y *P. f. prehensilis* Kerr, 1792). El haplogrupo detectado en Centro América se ajustaría bien a *P. f. prehensilis*; el haplogrupo de la zona pacífica ecuatoriana se correspondería a *P. f. modestus*; la población boliviana podría corresponder a una extensión geográfica de la forma definida en el área del Mato Grosso de Brasil, pero podría corresponder a un taxón no determinado todavía. Para los restantes haplogrupos no queda tan claro a qué subespecies morfológicas pudieran corresponderse. La agrupación molecular del área central de Perú podría corresponderse a un nuevo taxón. Por lo tanto, para una correcta asignación de los kinkajús es necesario el análisis molecular ya que las diferencias morfológicas entre grupos son bastante poco conspicuas.

Otros taxones de prociónidos de los que ya se ha generado una amplia cantidad de secuencias mitocondriales para procedimientos de asignación, pero todavía no publicadas, son las especies de mapaches, *Procyon cancrivorus* Cuvier, 1798 y *Procyon lotor* Linnaeus, 1758, además de las diferentes especies de coatíes, *Nasua narica* Linnaeus, 1766, *Nasua nasua* Linnaeus, 1766 y *Nasuella olivácea* Gray, 1865 e, incluso, de diversos taxones de olingos (*Bassaricyon* ALLEN, 1876).

*Familia Otariidae Gray, 1825.* Aunque los lobos o leones marinos no conforman parte estable de la fauna colombiana, y aunque no son especies decomisadas en Colombia, ocasionalmente, ciertos tejidos pueden ser utilizados de forma ilegal procedente de otros países del entorno. Igualmente, en esos otros países Latinoamericanos (Ecuador, Perú, Chile, Argentina, Uruguay y sur de Brasil) en ocasiones aparecen ejemplares muertos en sus playas sin que se sepa realmente la procedencia geográfica de estos animales. Eso indica también de la posible importancia de poseer un banco de datos genéticos para la asignación geográfica de ejemplares, o tejidos, de lobos marinos. RUIZ-GARCÍA *et al.* (no publicado) han comenzado ya la constitución de un banco de secuencias mitocondriales para las diferentes especies de lobos marinos latinoamericanos (*Otaria flavescens* Shaw, 1800, *Arctocephalus australis* Zimmermann, 1783, *A. gazella* Peters, 1875,

*A. tropicalis* Gray, 1872, *A. philippi* Peters, 1866, *A. galapagoensis* Heller, 1904, *Zalophus wolfebaeki* Sivertsen, 1953, y *Z. californicus* Lesson, 1828) para un total de 663 ejemplares.

El trabajo de TÚNEZ *et al.* (2006) fue el primero que intentó determinar algunos aspectos genético poblacionales de las dos especies que tienen mayor rango de distribución en Sudamérica, *O. flavescens* y *A. australis*. Estos autores secuenciaron un fragmento de la región control mitocondrial para 70 *O. flavescens* muestreados en 6 colonias diferentes en el Océano Atlántico (2 en Uruguay y 4 en Argentina) y las compararon con las secuencias de cinco ejemplares muestreados en Punta San Juan (Perú). Secuenciaron también 19 ejemplares de *A. australis* muestreados en Cabo Polonio (Uruguay) con otros 5 ejemplares de esta especie procedentes de Punta San Juan (Perú) para el mismo marcador. Los autores determinaron que ambas especies pudieron sufrir los efectos de un cuello de botella hace unos 110 000 años atrás. También mostraron que las poblaciones del Atlántico y Pacífico no compartieron haplotipos para ambas especies de lobos marinos lo cual estaría en concordancia con la existencia de unidades significativas evolutivas para cada Océano. Para *O. flavescens*, determinaron la existencia de dos agrupaciones diferentes en las costas de Uruguay y Argentina separadas por unos mil kilómetros. OLIVEIRA *et al.* (2008) compararon una población de *A. australis* muestreada en Uruguay con una población peruana para siete marcadores microsatélites. Un análisis mediante el programa Structure separó dos claras agrupaciones correspondientes a ambas poblaciones con un test de asignación poblacional con el 98 % de acierto de los especímenes a sus respectivas poblaciones de origen. Los autores, al igual que en el caso de TÚNEZ *et al.* (2006), concluyen que se trata de dos unidades evolutivas significativas. Los datos moleculares de esos dos trabajos tienen implicaciones importantes para la asignación poblacional.

También existen algunos trabajos que son útiles en ese sentido para las especies de lobos marinos de las islas Galápagos (Ecuador). WOLF *et al.* (2007) determinaron las posibles relaciones entre tres poblaciones de *Zalophus* que tradicionalmente se habían considerado subespecies diferentes, el lobo marino de California, el de las Galápagos y el de Japón. Los autores mostraron la existencia de monofilia entre los tres taxones sin evidencia de eventos reticulares por lo que consideraron cada taxón como especies plenamente diferenciadas. Estimaron la separación entre los ancestros de *Z. wolfebaeki* (Galápagos) y *Z. californianus* (California) en  $2.3 \pm 0.5$  millones de años al emplear un marcador mitocondrial. El estudio con microsatélites nucleares confirmaron la misma idea. Este trabajo puso de manifiesto que las escasas diferencias a nivel morfológico entre las tres poblaciones de *Zalophus* no se correlacionaron con la rápida divergencia molecular entre ellas que son consistentes con el estatus de tres especies diferenciadas. SCHRAMM *et al.* (2009) analizaron también el grado de diferenciación entre *Z. wolfebaeki* y *Z. californianus* mediante la región control del ADN mitocondrial. Detectaron un total de 50 haplotipos diferentes, con nueve haplotipos para el primer taxón y 41 haplotipos para el segundo con tres diferencias fijadas entre ambas. Para la especie norteamericana, el trabajo revela la existencia de 5 poblaciones bien diferenciadas, dos en el océano Pacífico y tres en el interior del Golfo de California. Mediante una red de haplotipos, los autores estimaron una separación temporal de 0.8 millones de años entre la forma de las islas Galápagos y California, estima algo inferior a la encontrada por WOLF *et al.* (2007). WOLF *et al.* (2008) mostraron que esta especie de lobo marino en las Galápagos posee una ilimitada capacidad de dispersión en el rango de distribución de la especie ya que no existen barreras geográficas en el interior de ella. Sin embargo, encontraron una divergencia genética, morfológica y ecológica significativa entre las colonias muestreadas en la zona occidental de las islas Galápagos y las colonias del área central de las mismas. Parece ser que esto tiene que ver con la utilización diferencial de los recursos tróficos por *Z. wolfebaeki* en ambas zonas. Esto ocurriría debido a la partición de nicho que se daría en la zona occidental de las islas donde esta especie de lobo marino compete con la otra especie de lobo marino de las Galápagos (*A. galapagoensis*).

Respecto a *A. galapagoensis*, el número de estudios genético-evolutivos es muy limitado. De hecho, no existe claridad en cuanto al estatus taxonómico de esta población. REPENNING *et al.* (1971) consideraron este taxón como una subespecie de *A. australis* (*A. australis galapagoensis*). De hecho, WOLF *et al.* (2007) encontraron una muy fuerte relación entre *A. australis* y la población de islas Galápagos de *Arctocephalus*. Sin embargo, otros autores las consideran dos especies diferenciadas (BASTIDA *et al.*, 2007). El único estudio molecular existente proporciona datos moleculares útiles para asignación poblacional. LOPES *et al.* (2015) analizaron una parte de la región control del ADN mitocondrial, además de 18 microsatélites nucleares. Estimaron que la diversidad genética de esta especie era similar a la de otras especies de pinnípedos de distribucio-

nes geográficas más amplias a pesar que esta población padeció una sobre-explotación durante el siglo XIX y drásticas reducciones poblacionales debido a los eventos de El Niño en las últimas décadas. Los resultados con el marcador mitocondrial mostraron una significativa estructura genética matrilineal con un 34 % de diferencias entre colonias separadas por unos 70 km de distancia en el mar. Por el contrario, los microsateélites nucleares no revelaron una estructura significativa entre las diferentes colonias estudiadas. Esos resultados muestran la importancia de la filopatría de las hembras para generar división poblacional incluso en especies altamente móviles, mientras que los machos actúan como vectores de homogenización genética.

#### 4.1.3. Orden Pilosa Flower, 1883

*Familias Bradyrodidae Gray, 1821 y Megalonychidae Ameghino, 1889 (Perezosos)*. Existen bases de datos genéticos de buena calidad que permiten asignar perfectamente ejemplares de perezosos de los dos géneros actuales, *Bradypus* Linnaeus, 1758 y *Choloepus* Illiger, 1811, en diferentes zonas geográficas de Colombia y también en diversas áreas de Latino América (MORAES-BARROS *et al.*, 2006, 2007; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2017ñ, o). La heterogeneidad genética entre poblaciones de perezosos es de gran magnitud con lo que se pueden asignar los ejemplares decomisados a poblaciones geográficas muy específicas con alta precisión. Por ejemplo, RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017ñ) analizaron 77 especímenes de *Bradypus variegatus* Schinz, 1825 (Panamá, Colombia, Venezuela, Perú, Bolivia y Brasil), un *Bradypus tridactylus* Linnaeus, 1758 (Surinam), un *Bradypus pygmaeus* ANDERSON & HANDLEY, 2001 (Panamá), y cinco especímenes de *Bradypus torquatus* Illiger, 1811 (Brasil) para secuencias de la región-control mitocondrial.

Adicionalmente, se analizaron 25 mitogenomas de esas cuatro especies del género *Bradypus*. Se detectaron para *B. variegatus*, al menos, seis grandes haplogrupos que se corresponden a áreas geográficas precisas. Estas fueron el área trans-Andina de Colombia y Panamá, la zona de la Amazonía occidental en Colombia, Venezuela, Perú y Bolivia (aunque existe una cierta heterogeneidad en esa zona), la zona del río Tapajos en Brasil, el área del río Negro en Brasil, el área de la zona del río Tocantins en Brasil, y el bosque Atlántico de Brasil. En esta última zona, un análisis SAMOVA detectó cuatro subpoblaciones diferenciadas en las áreas y estados de Ceará, Isla Marajó + Estado de Sao Paulo + Estado de Goias, Sao Joao en el Estado de Pará, y Estado de Sergipe + Estado de Bahía + Estado de Minas Gerais. Los niveles de heterogeneidad genética resultaron muy elevados entre esas poblaciones y la estructura espacial muy desarrollada, lo que pone de relevancia que diferentes procesos de subespeciación o, incluso, de especiación se está dando en el seno de *B. variegatus*. Incluso, la población trans-andina podría ser considerada una nueva especie utilizando la definición filogenética de especie. Si este fuera el caso, la denominación correcta debería ser *Bradypus ephippiger*. Las poblaciones trans-andina (Colombia y Panamá), de la Amazonía occidental (Venezuela, Colombia, Perú, y Bolivia), y la del río Tocantins (Brasil) se caracterizaron por elevados niveles de diversidad genética, mientras que las poblaciones del río Tapajos (Brasil) y del área del bosque Atlántico brasileño presentaron niveles de diversidad genética mucho más reducidos. Claramente, la forma insular del área de Veraguas en Panamá, *B. pygmaeus*, es una especie plenamente diferenciada de *B. variegatus* y que se diferenció durante el Plioceno, más que en el Holoceno como afirmaron los descubridores de esta especie descubierta a principios de los 2000 (ANDERSON & HANDLEY, 2001, 2002).

RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017o), utilizando datos mitogenómicos, pudieron diferenciar ejemplares de *Choloepus hoffmanni* Peters, 1858 y de *Choloepus didactylus* Linnaeus, 1758. Sin embargo, en ese trabajo se detectó un ejemplar con fenotipo de *C. didactylus* en la Amazonía colombiana con mitocondria típica de *C. hoffmanni*. Esto podría indicar posible hibridación entre ambas especies en el Amazonas o que existen fenotipos indistinguibles de ambas especies en ciertas regiones del Amazonas.

#### 4.1.4. Orden Rodentia Bowdich, 182

*Familias Cuniculidae MILLER & Gidley, 1918, Dasyproctidae Bonaparte, 1838, y Caviidae (Hydrochoerinae) Fischer, 1817*. Estos grandes roedores son objeto de caza intensa por parte de las comunidades indígenas y de colonos en buena parte de los biomas neotropicales en los que habitan, ya que su carne es apreciada. En Colombia, por ejemplo, el tráfico de carne de capibaras puede ser muy importante en la zona de los Llanos Orientales e, incluso, en ciertos restaurantes de Bogotá. Probablemente, una fracción de ese comercio de carne de capibaras es ilegal. Por lo tanto, la posible asignación geo-

gráfica de ejemplares cuya carne es traficada es importante, incluso, desde una esfera legal. RUIZ-GARCÍA *et al.* (2016h,i) analizaron los genes mitocondriales región control y *Cyt-b* para 78 capibaras (*Hydrochoerus hydrochoeris* Linnaeus, 1766) y 120 pacas (*Cuniculus paca* Linnaeus, 1766).

Para los capibaras, una sub-muestra de 25 ejemplares fue secuenciada para 10 genes mitocondriales. Ambas especies de roedores mostraron muy elevados niveles de diversidad genética, aunque las pacas registraron un valor superior. Sin embargo, las pacas presentaron una heterogeneidad genética muy baja aun cuando el rango de distribución analizado fue muy amplio. Por el contrario, la estructura genética del capibara resultó extremadamente elevada, distinguiéndose, en el área estudiada, varias poblaciones genéticamente diferentes asociadas a diversas cuencas de ríos específicos. El estudio diferenció plenamente poblaciones de capibaras en la zona peruana de la Amazonía occidental en Loreto y Ucayali, en el área del río Napo en Ecuador y Perú, en cada uno de los departamentos colombianos de Guainía, Meta y Casanare, y la población trans-Andina colombiana en el departamento de Córdoba. Eso significa que la fuerte asociación de los capibaras a los cuerpos de agua permite su adecuada asignación geográfica con facilidad. Aunque muchos autores consideran la población de capibaras trans-Andinas como una especie diferente (*Hydrochoerus isthmus* GOLDMAN, 1912), esos resultados moleculares sugieren que esa población es una subespecie geográfica de una única especie de capibaras. Contrariamente, la paca es un roedor con alta capacidad de colonización y no depende de cuerpos de agua, u otros requisitos ecológicos restrictivos, por lo que existen muy limitadas diferencias genéticas entre diversas áreas geográficas lo que dificulta poder hacer asignaciones geográficas específicas. Para Argentina, Paraguay, y Venezuela, también se han generado bancos de secuencias para los capibaras con la región de control mitocondrial en esos países (BYRNE *et al.*, 2015).

En el caso de los agutíes, RUIZ-GARCÍA *et al.* (no publicado) han generado un elevado número de secuencias mitocondriales que permiten una correcta asignación poblacional, especialmente, para *Dasyprocta fuliginosa* Wagler, 1832 y para *Dasyprocta punctata* Gray, 1842. Sin embargo, se poseen muestras de otras especies que pueden permitir una asignación correcta de estos roedores en buena parte de Latinoamérica (*Dasyprocta azarae* Lichtenstein, 1823, *Dasyprocta leporina* Linnaeus, 1758, *Dasyprocta kalinowski* Thomas, 1897, y *Dasyprocta ruatanica* Thomas, 1901). Sin embargo, para una completa asignación correcta de cualquier ejemplar de agutí es necesario la recolección y análisis de ejemplares de *Dasyprocta coibae* Thomas, 1902, *Dasyprocta cristata* Geoffroy, 1803, *Dasyprocta guamara* Ojasti, 1972, *Dasyprocta mexicana* Saussure, 1860, y *Dasyprocta prymnolopha* Wagler, 1831. Se están consiguiendo muestras de *Cuniculus taczanowskii* Stolzmann, 1865 y de diversas especies de *Myoprocta* Thomas, 1903 (*M. acouchy* Erxleben, 1777 y *M. pratii* Pocock, 1913) para proceder a asignaciones geográficas correctas también para esos taxones (RUIZ-GARCÍA *et al.*, no publicado).

#### 4.1.5. Orden Perissodactyla Owen, 1821

*Familia Tapiridae Gray, 1821.* Al ser los tapires los mamíferos terrestres de mayor porte en el Neotrópico reciben una presión cinegética muy elevada en buena parte del rango de distribución en donde viven. En ocasiones se trafica con su carne en las áreas amazónicas, por lo que la asignación geográfica de ejemplares decomisados o cazados es importante. El estudio de más de 250 tapires de tierras bajas (*Tapirus terrestris* Linnaeus, 1758) para múltiples genes mitocondriales (THOISY *et al.*, 2010; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2012d, 2015b, 2016j) ha revelado que el área de mayor diversidad genética en su rango de distribución corresponde al norte de la Amazonía occidental porque, probablemente, esa es el área de diversificación inicial de la especie en Sudamérica. Se detectaron seis haplogrupos bien diferenciados en esta especie. Sin embargo, solo dos de esos haplogrupos estuvieron parcialmente relacionados con áreas geográficas concretas, siendo el caso del norte de Colombia y área de Maracaibo en Venezuela y en la zona sur de la distribución del tapir terrestre en áreas de Bolivia, Paraguay, y norte de Argentina. Los otros cuatro haplogrupos estuvieron distribuidos por zonas muy amplias de Sudamérica y, en muchas ocasiones, se encontraron en simpatria. Esto significa que los tapires terrestres se pueden asignar muy bien a esos diversos haplogrupos, pero no necesariamente a zonas geográficas concretas. El río Amazonas no parece ser una barrera geográfica que haya separado genéticamente de forma apreciable poblaciones de esta especie. Esos resultados muestran de una forma contundente que los datos aportados por COZZUOL *et al.* (2013) eran insuficientes, e, incluso, mal interpretados como para sostener la existencia de una nueva especie de tapir ("*Tapirus kabomani*")

COZZUOL 2013). En el momento que el tamaño muestral se aumentó, al igual que el número de marcadores analizados, se mostró que la supuesta nueva especie, *T. kabomani*, es un haplogrupo concreto de *T. terrestris*.

Para el tapir de montaña (*Tapirus pinchaque* Roulin, 1829) (RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2016k), cuya distribución geográfica es la más restringida de todas las especies de tapires (Colombia, Ecuador, y una pequeña porción del norte de Perú), se han analizado 15 genes mitocondriales para 45 ejemplares procedentes de tres regiones de Colombia y tres regiones de Ecuador. A diferencia del tapir de tierras bajas no existen haplogrupos bien diferenciados por regiones geográficas y los ejemplares de las seis poblaciones analizadas están entre-mezclados en los diferentes análisis. Igualmente, los niveles de diversidad genética en el tapir de montaña son menores que en el tapir de tierras bajas, pero superiores al del tapir centro-americano (*Tapirus bairdii* Gill, 1865), aun cuando éste posee una distribución geográfica considerablemente más amplia. La población colombiana de tapir de montaña parece haber experimentado un declive en los últimos 5 000 años, mientras que la población ecuatoriana parece haber sufrido, contrariamente, una cierta expansión poblacional durante el Holoceno (últimos 10 000 años). La asignación poblacional correcta de ejemplares de esta especie es poco probable tan solo con marcadores mitocondriales y se requeriría, seguramente, del empleo de otros marcadores nucleares, tanto autosómicos como ligados a los cromosomas X e Y.

#### 4.1.6. Orden Cetartiodactyla Montgelard, 1997

*Familia Tayassuidae Palmer, 1897.* Los taxones de este grupo tienen una enorme importancia en Latino América porque constituyen la carne de monte por antonomasia. Se han realizado algunos estudios moleculares (GÓNGORA *et al.*, 2006; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2015c) que pueden ayudar a la asignación geográfica de ejemplares de las dos especies con mayor distribución geográfica en el Neotrópico (pecarí de collar, *Pecari tajacu* Linnaeus, 1758; pecarí de labio blanco, *Tayassu pecari* Link, 1795). El primer estudio, utilizó dos genes mitocondriales (región control y *Cyt-b*) y algunas secuencias parciales de genes nucleares (*GPII*, *PRE-1 P27*, *PRE-1 P642*, y *TYR*). Especialmente, los resultados mitocondriales mostraron dos grandes clados para *P. tajacu*, uno distribuido en Norte y Centroamérica y otro en Sudamérica. Sin embargo, se encontraron dos ejemplares colombianos que resultaron parafiléticos con resultados discordantes entre los marcadores mitocondriales y los nucleares, lo cual sugiere reciente hibridación, o introgresión genética, en territorio colombiano entre pecaríes de collar de esos dos grupos altamente diferenciados.

El segundo estudio, con 78 ejemplares de *T. pecari* estudiados para tres marcadores microsátelites y para la región de control mitocondrial, incluyó cuatro subespecies morfológicas putativas (*T. p. spiradens* GOLDMAN, 1912, *T. p. aequatoris* Lönnberg, 1921, *T. p. pecari*, y *T. p. albirostris* Illiger, 1815) presentes en el noroeste de Sudamérica. Los resultados obtenidos mostraron que esta especie posee una elevada diversidad genética para las secuencias mitocondriales, mientras que la diversidad para los microsátelites fue media-alta similar a la que se encuentra en muchas razas europeas de cerdos. Los datos mitocondriales no detectaron una clara diferenciación entre las supuestas subespecies morfológicas analizadas, mientras que los microsátelites detectaron una leve diferenciación de la forma *T. p. albirostris*. Igualmente, los datos mitocondriales no detectaron una clara dinámica en la historia demográfica de esta especie.

Debido a la enorme importancia como recurso alimenticio, al igual que por el uso de sus pieles (especialmente en el caso del pecarí de collar) se requieren estudios moleculares más minuciosos en Latinoamérica, incluyendo todas las supuestas subespecies morfológicas para ambas especies, sin olvidar al pecarí del Chaco (*Categorus wagneri* Rusconi, 1930).

*Familia Cervidae Goldfuss, 1820.* Al igual que ocurre con algunos de los taxones precedentes, los ciervos son especies de un alto potencial y valor cinegético, lo cual favorece su venta de carne legal, o ilegalmente, al igual que muchos campesinos los pueden tener junto con sus hatos de herbívoros domésticos, dándole prestigio a sus granjas. En general, la sistemática de dos de los géneros de ciervos neotropicales ha sido muy disputada y discutida según los autores. Este es el caso de los taxones de los géneros *Odocoileus* Rafinesque, 1832 y *Mazama* Rafinesque, 1817. Por ejemplo, MOLINA & MOLINARI (1999) y MOLINARI (2007) utilizando datos biométricos craneales y mandibulares llegaron a la conclusión que existen múltiples especies de ciervo coliblanco (*Odocoileus virginianus* Zimmermann, 1780) en Venezuela: *Odocoileus margaritae* Osgood, 1910 (isla



Margarita), *Odocoileus lasiotis* Osgood, 1914 (Andes de Mérida), y *Odocoileus cariacou* Boddaert, 1784 (amplia distribución por el territorio venezolano). Igualmente, aceptaron una amplia proliferación de otras especies de ciervos coliblanco por otras áreas del Neotrópico, tales como *Odocoileus goudotti* Gay & Gervais, 1846 (Andes colombiano), *Odocoileus ustus* Trouessart, 1910 (Andes ecuatorianos) u *Odocoileus peruvianus* Gray, 1874 (costa pacífica peruana y ecuatoriana). Sin embargo, por ejemplo, MOSCARELLA *et al.* (2003), analizando secuencias de la región de control mitocondrial, mostraron que las secuencias de cuatro ejemplares de *O. v. goudotti*, que en realidad procedían de los páramos de Mérida y, por lo tanto, representarían al taxón *O. lasiotis* "sensu" MOLINA & MOLINARI (1999), están entremezcladas con las secuencias de ejemplares de *O. v. gymnotis* Wiegmann, 1833 (*O. cariacou* "sensu" MOLINA & MOLINARI, 1999). Igualmente, MOSCARELLA *et al.* (2003) mostraron que una secuencia de *O. v. gymnotis* estuvo contenida en el clado de *O. v. margaritae* y que las estimas de distancias genéticas entre esos clados no superaban el 3 % de diferenciación, al igual que las estimas de flujo génico superaban el valor de un migrante por generación. Esto revela que, probablemente, todas esas formas de ciervos coliblanco en Venezuela (y, probablemente, en otras áreas del Neotrópico) representan subespecies de una única especie válida. Sin embargo, al ser esta una especie relativamente frecuente en buena parte de su distribución geográfica, la obtención de muestras de diferentes áreas es relativamente fácil. En estos momentos, una amplia cantidad de muestras de diversas áreas de Centroamérica, Colombia, Ecuador y Perú están siendo analizadas (RUIZ-GARCÍA *et al.*, no publicado).

Un problema similar o, incluso, más complejo, hace referencia al género *Mazama*. La nomenclatura y el número de supuestas especies de este género ha fluctuado constantemente y, por tanto, eso afecta a la capacidad de asignar correctamente ejemplares decomisados o cazados. Incluso, algunos estudios filogenéticos han detectado la polifilia del género *Mazama*, tornando este caso, en muchas situaciones, muy complejo (GILBERT *et al.*, 2006; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2007b; DUARTE *et al.*, 2008; HASSANIN *et al.*, 2012). Algunos estudios han generado una cierta cantidad de secuencias genéticas que pueden ser potencialmente empleadas para tareas de asignación poblacional. Estos son los casos de RUIZ-GARCÍA *et al.* (2007b), GONZÁLEZ *et al.* (2009), GUTIÉRREZ *et al.* (2015), y ESCOBEDO-MORALES *et al.* (2016).

Por ejemplo, GUTIÉRREZ *et al.* (2015) mostraron que una especie que, tradicionalmente ha sido clasificada como una especie plena, *Mazama bricenii* Thomas, 1908, de la Cordillera de Mérida (Venezuela), al ser analizada para características morfológicas cuantitativas y cualitativas, y para secuencias del gen mt *Cyt-b*, se comporta como un clado anidado en el interior de *Mazama rufina* Pucheran, 1851. GONZÁLEZ *et al.* (2009) detectaron un fragmento de 224 pares de bases para el gen mt *Cyt-b* con un sitio de digestión *BSTNI/ECORII* que es único para *Mazama bororo* DUARTE, 1996. Otros sitios diagnósticos con otras enzimas de digestión permitieron diferenciar ejemplares de *Mazama gouazoubira* Fischer, 1814 (*SspI*), de *Mazama americana* Erxleben, 1777 y de *Mazama nana* Hensel, 1872 (*AfIII*). El estudio de ESCOBEDO-MORALES *et al.* (2016) aporta un buen número de secuencias de *Mazama pandora* Merriam, 1901 (ocho muestras) y *Mazama temama* Kerr, 1792 (21 muestras), para tres genes mitocondriales (*ND2*, *Cyt-b*, y región control), lo que permite la separación de esas dos especies en México.

Recientemente, se han obtenido más muestras de esas dos especies obtenidas en México, Guatemala y Belice, lo que permitirá una mayor capacidad de asignación para ejemplares de esas especies centroamericanas (RUIZ-GARCÍA *et al.*, no publicado). No obstante, se necesitan considerables esfuerzos de muestreo para tener un mapeo amplio y preciso de ejemplares de las especies de *Mazama* para todo el Neotrópico.

El problema de muchas de esas clasificaciones específicas en *Odocoileus* y *Mazama* (pero también para los otros taxones discutidos) es que no tienen en consideración, por ejemplo, aspectos tales como los establecidos por ZACHOS (2016). Las especies son unidades de tal importancia en lo conceptual, en lo que se refiere a linajes evolutivos independientes con integridad genética y reproductiva propia, al igual que en términos de conservación, que no pueden ser definidas inadecuadamente. Además, sus descripciones y fundamentos no se pueden realizar con base en diferencias morfométricas simples, cuya base genética y, por tanto, evolutiva desconocemos, aun cuando éstas sean significativas estadísticamente, o a partir de datos moleculares incipientes que no representan adecuadamente ni el número de ejemplares, ni las áreas geográficas, ni los genomas de diferente naturaleza de esas presuntas especies. Esos datos parciales pueden servir para soportar conclusiones de conjuntos de datos más amplios y complejos, pero no son suficientes por sí mismos para definir nuevas especies.

Otros taxones de cérvidos en Latinoamérica también deben ser secuenciados ampliamente para poder disponer de bancos de datos que permitan la asignación geográfica de ejemplares traficados y cazados ilegalmente. Este es el caso de *Blastoceros dichotomus* Illiger, 1815, *Ozotoceros bezoarticus* Linnaeus, 1758, *Hippocamelus antisensis* d'Orbigny, 1834 e *Hippocamelus bisulcus* MOLINA, 1782, además de *Pudu mephistophiles* de Winton, 1896 y *Pudu puda* MOLINA, 1782. Existe una buena colección de datos ya para *B. dichotomus* en la cuenca del río de La Plata (MÁRQUEZ *et al.*, 2006), para *O. bezoarticus* en el sur de Brasil, Uruguay, y Argentina (GONZÁLEZ *et al.*, 1998), para *H. bisulcus* (MARÍN *et al.*, 2013), y para *P. puda* (FUERTES-HURTADO *et al.*, 2011), esos dos últimos en Chile.

*Familia Camelidae Gray, 1821.* En Colombia, no existen especies de esta familia por lo que especímenes de estos animales no hacen parte de los decomisos habituales. Sin embargo, en otros países andinos (especialmente Perú, Bolivia, y Chile), algunos camélidos como las llamas (*Lama glama* Linnaeus, 1758), alpacas (*Vicugna pacos* Linnaeus, 1758), guanacos (*Lama guanicoe* Müller, 1776), y vicuñas (*Vicugna vicugna* MOLINA, 1782) son especies habituales y de enorme importancia tanto ecológica, como para la economía de muchas comunidades indígenas andinas. Para algunas de esas especies se han generado resultados moleculares que constituyen bancos de datos de gran importancia en la tarea de asignación geográfica para ejemplares de esas especies (por ejemplo, WHEELER, 1995; WHEELER *et al.*, 2001; MARÍN *et al.*, 2007, 2008, 2013b; GONZÁLEZ *et al.*, 2014).

*Familia Iniidae Gray, 1846 y Delphinidae Gray, 1821.* En este caso únicamente se tienen en consideración las formas de delfines de aguas continentales en Sudamérica. Los delfines rosados (*Inia sp.* d'Orbigny, 1834; Iniidae) habitan en las cuencas de los ríos Amazonas y Orinoco y, directamente, no son objeto de tráfico ilegal de ejemplares vivos. Sin embargo, ciertas partes de su cuerpo, como los dientes y especialmente los órganos sexuales, en especial los femeninos, sí son objeto de un considerable comercio ilegal donde esas especies habitan (por ejemplo, el mercado de Belén en la ciudad peruana de Iquitos). Más recientemente se han cazado delfines rosados para utilizar su carne para la pesca de un siluriforme, denominado mota o mapurito (*Calophysus macropterus*). Existe una amplia cantidad de datos moleculares (secuencias mitocondriales, secuencias de genes del complejo mayor de histocompatibilidad, secuencias de intrones autosómicos y de cromosoma Y, microsatélites, y marcadores RAPDs) que posibilitan un banco de datos genéticos para una asignación geográfica correcta de esos tejidos decomisados (BANGUERA-HINESTROZA *et al.*, 2002; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2006c, 2007b, 2008, 2017II; RUIZ-GARCÍA 2010a, b; MARTÍNEZ-AGÜERO *et al.*, 2006, 2010; HOLLATZ *et al.*, 2011b; HRBEK *et al.*, 2014; GRAVENA *et al.*, 2014, 2015). Esos datos moleculares detectan diversos grupos geográficamente diferenciables (el linaje más divergente en la cuenca amazónica de Bolivia; otro linaje diferenciable en la cuenca del río Tocantins-Araguaia; al menos, dos linajes diferentes en la Orinoquía; y diferentes sub-grupos altamente relacionados en el resto del Amazonas). Se ha discutido mucho si la forma boliviana constituye una especie diferente (*Inia boliviensis* d'Orbigny, 1834; BANGUERA-HINESTROZA *et al.*, 2002; RUIZ-GARCÍA *et al.*, 2008; RUIZ-GARCÍA, 2010b). Sin embargo, GRAVENA *et al.* (2014, 2015) han mostrado hibridación reciente y efectiva en el río Madeira (Brasil) entre la forma boliviana y la forma mayoritariamente extendida en la cuenca amazónica, lo cual genera dudas de que la forma boliviana constituya una especie plenamente diferenciada. Más recientemente, HRBEK *et al.* (2014) aportaron pruebas no definitivas de una posible nueva especie de delfín rosado en la cuenca del río Tocantins-Araguaia (Brasil), *Inia araguaiaensis* HRBEK, 2014. Sin embargo, tal como discuten RUIZ-GARCÍA *et al.* (2017II) es bastante probable que se trate de una nueva subespecie más que de una nueva especie (*I. geoffrensis araguaiaensis*). Tradicionalmente, la forma del Orinoco se ha considerado una subespecie diferenciada (*I. geoffrensis humboldtiana* Pilleri & Gihl, 1978). Sin embargo, los resultados moleculares muestran la existencia de dos linajes polifiléticos en la Orinoquía que derivan de dos fuentes amazónicas independientes.

El tucuxí (*Sotalia fluviatilis* Gervais & Deville, 1853; Delphinidae) es otra forma de delfín que habita en la Amazonía. Una especie muy próxima, antiguamente clasificada como una subespecie de la anterior, (*Sotalia guianensis* Van Beneden, 1864) habita en la desembocadura del río Amazonas y en la costa caribeña y Atlántica desde Nicaragua hasta el sur de Brasil. El número de estudios moleculares es más limitado que en *Inia*. Los estudios de CABALLERO *et al.* (2010a, b; 2017) aportan datos genéticos para *S. fluviatilis*, mientras que los estudios de CUNHA *et al.* (2005, 2010), CABALLERO *et al.* (2007), HOLLATZ *et al.* (2011a), RUIZ-GARCÍA *et al.* (2013e), e YWASAKI-LIMA *et al.* (2017) proveen

datos moleculares que pueden permitir asignación poblacional de ejemplares, o tejidos, de *S. guianensis*.

#### 4.2. Taxones de mamíferos neotropicales de los que no se dispone información para la constitución de bancos de datos genéticos que permitan su asignación geográfica en Colombia pero existen parcialmente en otras áreas de Latinoamérica

##### 4.2.1. Orden Cingulata Illiger, 1811

*Familia Dasypodidae Gray, 1821.* Aunque existen algunos trabajos genéticos para algunas especies de armadillo, siendo este el caso del armadillo de nueve bandas (*Dasypus novemcinctus* Linnaeus, 1758) en áreas geográficas muy restrictas como en la Florida (PRODÖHL *et al.*, 1998), en Paraguay (FRUTOS & VAN DEN BISSCHE, 2002), y en México (ARTEAGA *et al.*, 2012), o el caso de *Chaetophractus villosus* Desmarest, 1804 en Argentina (POLJAK *et al.*, 2010), por lo general, no existen trabajos extensos con gran cantidad de ejemplares secuenciados para la mayor parte de géneros de armadillos (*Dasypus* Linnaeus, 1758, *Euphractus* Wagler, 1830, *Chaetophractus* Fitzinger, 1871, *Zaedyus* Ameghino, 1889, *Calyptophractus* Fitzinger, 1871, *Chlamyphorus* Harlan, 1825, *Cabassous* McMurtrie, 1831, *Priodontes* Cuvier, 1825, y *Tolypeutes* Illiger, 1811), por lo que se hace imperativo la generación de secuencias para los mismos.

##### 4.2.2. Orden Pilosa Flower, 1883

*Familias Myrmecophagidae Gray, 1825 y Cyclopedidae Pocock, 1924.* Los osos hormigueros medianos (*Tamandua mexicana* Saussure, 1860 y *Tamandua tetradactyla* Linnaeus, 1758) tienen amplia distribución en Latinoamérica y, desafortunadamente, son objeto de atropellamientos muy frecuentes en muchas carreteras de los países de ese subcontinente. Sin embargo, el número de estudios moleculares, que hayan generado un elevado número de secuencias que permitan procesos correctos de asignación poblacional, es escaso. El trabajo de CLOZATO *et al.* (2015), con secuencias de genes nucleares del complejo mayor de histocompatibilidad en *T. tetradactyla*, analizando ejemplares de cinco biomas diferentes en el Brasil, es un primer intento en ese sentido. Especialmente importante pueden ser esos estudios en Colombia y Ecuador, donde habitan las dos especies de *Tamandua* Gray, 1825.

Lo mismo ocurre con el oso hormiguero gigante (*Myrmecophaga tridactyla* Linnaeus, 1758). Aunque posee una amplia distribución son muy incipientes los estudios moleculares con ellos. Pueden citarse algunos trabajos en Brasil. Existe un estudio muy local en el Parque Nacional Emas (Brasil) donde se analizaron 27 ejemplares para cinco marcadores microsatélites. Esa población mostró baja diversidad genética y elevados niveles de endogamia (COLLEVATTI *et al.*, 2007). Un estudio más útil para situaciones de asignación poblacional en Brasil es el aportado por CLOZATO *et al.* (2017). Se analizaron 77 ejemplares de siete poblaciones procedentes de cuatro biomas diferentes. La secuenciación de dos genes mitocondriales (región control y *Cyt-b*) y dos genes nucleares (*AMELY* y *RAG2*) mostró una fuerte estructura entre las poblaciones del Cerrado y el Pantanal con respecto a las poblaciones amazónicas.

El diminuto serafín de noche (*Cyclopes didactylus* Linnaeus, 1758) solo presenta un estudio con las características indicadas. COIMBRA *et al.* (2017) analizaron 32 individuos (uno de Colombia, cuatro de Perú, uno de Surinam, uno de Guyana francesa y el resto de Brasil) para tres genes mitocondriales (región control, *COI*, y *Cyt-b*). Ese estudio identificó siete grupos bien diferenciados. La muestra colombiana, procedente del departamento de Santander, formó uno de esos siete grupos diferenciados.

##### 4.2.3. Orden Rodentia Bowdich, 1821

*Familias Sciuridae Fischer, 1817, Dinomyidae Peters, 1873, y Erethizontidae Bonaparte 1845.* Las especies de ardillas neotropicales son abundantes y han estado, en los últimos años, sometidas a una intensa reorganización sistemática y taxonómica. Desde las revisiones pioneras de ALLEN (1914, 1915) de los Sciuridae del Neotrópico, se ha incrementado notablemente el número de taxones en los últimos años. Por ejemplo, WILSON & REEDER (2005), en la obra de referencia para la taxonomía de mamíferos, describen tres géneros y 16 especies. La revisión de DEVIVO & CARMIGNOTTO (2015) propone siete géneros y 19 especies. Se han doblado las especies reconocidas de *Microsciurus* ALLEN, 1895 (de cuatro a ocho), el género *Sciurus* Linnaeus, 1758 se ha dividido en cuatro gé-

neros diferentes (*Guerlinguetus* Gray, 1821, *Hadroskiurus* ALLEN, 1915, *Notoskiurus* Nelson, 1899, y *Simoskiurus* ALLEN, 1915). Además, se ha reconocido como una especie válida a la ardilla peruana de montaña (*Syntheoskiurus* sp Bangs, 1902).

Se han generado algunos estudios moleculares que son los que han permitido esa reestructuración en la taxonomía de las ardillas. MERCER & ROTH (2003), utilizando dos genes mitocondriales (12S rDNA y 16S rDNA) y uno nuclear (IRBP), mostraron relaciones parafiléticas de *Sciurus* en relación a *Syntheoskiurus* y *Microskiurus*. STEPPAN *et al.* (2004) (dos genes nucleares) y HERRON *et al.* (2004) (gen mt *Cyt-b*) también pusieron de manifiesto la fuerte relación entre *Microskiurus flaviventer* Gray, 1867 y algunas especies sudamericanas de *Sciurus* (*S. stramineus* Eydoux & Souleyet, 1841 y *S. aestuans* Linnaeus, 1766). PECNEROVÁ & MARTINKOVÁ (2012) analizaron una súper matriz con secuencias de ocho genes (cuatro mitocondriales y cuatro nucleares) revelando, por ejemplo, una fuerte relación entre *S. granatensis* Humboldt, 1811 y *M. alfari* ALLEN, 1895. VILLALOBOS & GUTIÉRREZ-ESPELETA (2014) mostraron la monofilia de especies mesoamericanas de *Sciurus* (*S. aureogaster* Cuvier, 1829, *S. granatensis*, *S. variegatoides* Ogilby, 1839).

Sin embargo, el número generado de secuencias por cada taxón es muy pequeño por lo que difícilmente se posee un banco de datos que permita hacer asignación geográfica de ejemplares decomisados de esos taxones de ardillas. En los últimos años, RUIZ-GARCÍA *et al.* (no publicado) han realizado un esfuerzo notable de muestreo para conseguir un banco de datos secuenciales para las especies de ardillas reportadas para Colombia, Ecuador, Perú y diversos países de Centroamérica. Especialmente importante, utilizando la nueva nomenclatura, son los casos de especies colombianas y ecuatorianas más decomisadas: *Hadroskiurus igniventris* Wagner, 1842, *H. spadiceus* Olfers, 1818, *Microskiurus flaviventer*, *M. mimulus* Thomas, 1898, *M. similis* Nelson, 1899, *M. simonsi* Thomas, 1900, *Notoskiurus granatensis*, *N. pucheranii* Fitzinger, 1867, *Sciurillus pusillus* Geoffroy, 1803, *Simoskiurus nebouxii* Geoffroy St.-Hilare, 1855, y *S. stramineus*, Gervais, 1841. Entre todas ellas destaca el caso de *N. granatensis*, ya que se han contabilizado hasta 32 posibles subespecies (muchas de ellas en Colombia), y es la ardilla más decomisada, en este último país.

De la única especie de Dinomyidae conocida, *Dynomys branickii* Peters, 1873, salvo esporádicos análisis cariológicos, no existen estudios moleculares. Es urgente la generación de un banco de secuencias para la asignación de ejemplares de la segunda especie de roedor actual de mayor tamaño.

Algunos estudios moleculares se han realizado para los roedores erethizóntidos. Estos son los trabajos de BONVICINO *et al.* (2002), VILELA *et al.* (2009), LEITE *et al.* (2011), y VOSS *et al.* (2013). WOODS & KILPATRICK (2005) determinaron cinco géneros de esta familia, *Chaetomys* Gray, 1843 (una especie), *Coendou* Lacepède, 1799 (10 especies), *Echinoprocta* Gray, 1865 (una especie), *Erethizon* Cuvier, 1823 (una especie), y *Sphiggurus* Cuvier, 1825 (nueve especies). Sin embargo, los estudios de VOSS (2011) y VOSS *et al.* (2013) reconocen 15 especies de erethizóntidos distribuidos en tres géneros [*Chaetomys*, *Coendou* (13 especies), y *Erethizon*]. Especialmente, el trabajo de VOSS *et al.* (2013) proporciona algunas secuencias útiles desde el propósito de la asignación poblacional. Sin embargo, se necesita la producción de múltiples secuencias para proceder correctamente en esa tarea. Por lo tanto, se están obteniendo muestras que permitan ese propósito para los siguientes taxones: *Coendou bicolor* Tschudi, 1844, *C. ichillus* Voss & da Silva, 2001, *C. mexicanus* Kerr, 1792, *C. pruinosus* Thomas, 1905, *C. quichua* Thomas, 1899, y *C. rufescens* Gray, 1865.

#### 4.2.4. Orden Didelphimorphia Gill, 1872

*Familia Didelphidae* Gray, 1821. Los géneros de mayor porte de esta familia son potencialmente decomisados, atropellados o tienen conflictos en ambientes rurales e, incluso, urbanos con los humanos. Las especies de las que se están consiguiendo muestras que posibiliten un banco genético amplio son *Caluromys derbianus* Waterhouse, 1841, *C. lanatus* Olfers, 1818, *Caluromysiops irrupta* Sanborn, 1951, *Glironia venusta* Thomas, 1912, *Chironectes minimus* Zimmermann, 1780, *Didelphis virginianus* Kerr, 1792, *D. marsupialis* Linnaeus, 1758, *D. pernigra* ALLEN, 1900, *Lutreolina crassicaudata* Desmarest, 1804, *Metachirus nudicaudatus* Geoffroy, 1803, *Philander ANDERSONI* Osgood, 1913, *P. mondolfii* Lew, 2006, y *P. opossum* Linnaeus, 1758. Aunque existen múltiples estudios en sistemática molecular de marsupiales neotropicales desde hace años (por ejemplo, PATTON *et al.*, 1996; JANSÁ & VOSS, 2000), hay muy pocos estudios genético poblacionales que involucren una elevada cantidad de ejemplares de muchas poblaciones de especies determinadas.

Sin embargo, existen algunos estudios interesantes desde esa perspectiva, que puede ayudar a eventos de asignación poblacional. Es el caso del género *Didelphis* Linnaeus, 1758. SOUSA *et al.* (2012a) analizaron 93 muestras de *D. alviventris* procedentes de siete localidades diferentes de Brasil para el gen mt *COI* encontrando una heterogeneidad genética considerable entre poblaciones de los estados de Minas Gerais y Rio Grande do Sul. SOUSA *et al.* (2012b), con el mismo marcador molecular, y 40 ejemplares estudiados de *D. alviventris* en una zona periurbana de Belo Horizonte, encontraron baja variabilidad genética y se pudo diferenciar perfectamente de *D. aurita* Wied-Neuwied, 1826 que vive en simpatría. CRUZ-SALAZAR *et al.* (2014, 2016) analizaron, mediante microsatélites, diversas poblaciones de *D. marsupialis* y *D. virginiana* en la zona de Chiapas (México). La diferenciación entre las especies fue moderada, pero reconocible, y la diferenciación entre poblaciones al interior de cada especie fue, prácticamente, nula. CERVANTES *et al.* (2010) mostraron que con secuencias mitocondriales se podían diferenciar perfectamente ambas especies simpátricas en México. Para el género *Philander* Brisson, 1762, NUNES *et al.* (2006) mostraron que el marcador mt *Cyt-b* podía perfectamente diferenciar diferentes taxones de este género (*P. frenata* Olfers, 1818, *P. opossum* *opossum*, *P. opossum fuscogriseus* ALLEN, 1900, *P. opossum canus* Osgood, 1913, *P. Andersoni*, y *P. mcilhennyi* Gardner & Patton, 1972). El estudio muestra que siete ejemplares procedentes de la Reserva Sostenible de Mamirauá en el centro de la Amazonía brasileña, que no pudieron ser identificados morfológicamente, pudieron ser asignados correctamente a *P. o. canus*.

Para intentar salvaguardar y conservar buena parte de las especies de mamíferos neotropicales, especialmente aquellas que son objeto de tráfico y caza ilegal, es esencial seguir construyendo bancos de datos genéticos que permitan delimitar de qué áreas geográficas concretas proceden esos ejemplares extraídos y así poder re-enviar a los ejemplares vivos hacia sus áreas geográficas originales o determinar qué áreas geográficas de un país se constituyen como focos principales de la caza ilegal.

## BIBLIOGRAFÍA

- AGRIZZI, J., LOSS, A.C., FARRO, A.P.C., DUDA, R., COSTA, L.P. & LEITE, Y.L.R. 2012. Molecular diagnosis of Atlantic forest mammals using mitochondrial DNA sequences: Didelphid marsupials. *The Open Zoology Journal*, 5: 2-9.
- ALLEN, J.A. 1914. Review of the genus *Microsciurus*. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 33: 145-165.
- 1915. Review of the South American Sciuridae. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 34: 147-309.
- ANDERSON, R.P. & HANDLEY, C.O. 2001. A new species of three-toed sloth (Mammalia: Xenarthra) from Panama, with a review of the genus *Bradypus*. *Proceedings Biological Society Washington*, 114: 1-33.
- 2002. Dwarfism in insular sloths: Biogeography, selection, and evolutionary rate. *Evolution*, 56: 1045-1058.
- ARTEAGA, M.C., PIÑERO, D., EGUIARTE, L.E., GASCA, J. & MEDELLÍN, R.A. 2012. Genetic structure and diversity of the nine-banded armadillo in Mexico. *Journal of Mammalogy*, 93: 547-559.
- AVISE, J.C. 2000. *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press, Cambridge, MA.
- BAKER, C.S., CIPRIANO, F. & PALUMBI, S.R. 1996. Molecular genetic identification of whale and dolphin products from commercial markets in Korea and Japan. *Molecular Ecology*, 5: 671-685.
- BANGUERA-HINESTROZA, E., CÁRDENAS, H., RUIZ-GARCÍA, M., MARMONTEL, M., GAITÁN, E., VÁZQUEZ, R. & GARCÍA-VALLEJO, F. 2002. Molecular identification of evolutionarily significant units in the Amazon River dolphin, *Inia* sp. (Cetacea: Iniidae). *Journal of Heredity*, 93: 312-322.
- BANKS, M.A. & EICHERT, W. 2000. WHICHRUN (Version 3.2): a computer program for population assignment of individuals based on multilocus genotype data. *Journal of Heredity*, 91: 87-89.
- BASTIDA, R., RODRÍGUEZ, D., SECCHI, E. & DA SILVA, V. 2007. *Mamíferos acuáticos de Sudamérica y Antártida*. Vázquez Mazzini Editores, Buenos Aires.
- BEAUMONT, M., BARRAT, E.M., GOTTELLI, D., *et al.* 2001. Genetic diversity and introgression in the Scottish wildcat. *Molecular Ecology*, 10: 319-336.
- BERTORELLE, G. & BARBUJANI, G. 1995. Analysis of DNA diversity by spatial autocorrelation. *Genetics*, 140: 811-819.
- BONVICINO, C.R., PENNA-FIRME, V. & BRAGGIO, E. 2002. Molecular and karyologic evidence of the taxonomic status of *Coendou* and *Sphiggurus* (Rodentia: Hystricognathi). *Journal of Mammalogy*, 83: 1071-1076.
- BORISENKO, A. V., LIM, B.K., IVANOVA, N.V., HANNER, R.H. & HEBERT, P.D.N. 2008. DNA barcoding in surveys of small mammal communities: a field study in Suriname. *Molecular Ecology Resources*, 8: 471-479.
- BOWEN, B.W. 1999. Preserving genes, species, or ecosystems? Healing the fractured foundations of conservation policy. *Molecular Ecology*, 8: S5-S10.

- BROUNS, G., DE WULF, A. & CONSTALES, D. 2003. DeLaunay triangulation algorithms useful for multibeam echosounding. *Journal of Surveying Engineering*, 129: 79-84.
- BYRNE, M.S., QUINTANA, R.D., BOLKOVIC, M.L., CASSINI, M.H. & TÚNEZ, J.I. 2015. The role of river drainages in shaping the genetic structure of capybara populations. *Genetica*, 143: 645-656.
- CABALLERO, S., CORREA-CÁRDENAS, C.A. & TRUJILLO, F. 2015. Population structure and genetic diversity of the endangered South American giant otter (*Pteronura brasiliensis*) from the Orinoco Basin in Colombia: management implications and application to current conservation programs. *Journal of Heredity*, 106 (S1): 469-477.
- CABALLERO, S., TRUJILLO, F., VIANNA, J.A., BARRIOS-GARRIDO, H., MONTIEL, M.G., BELTRÁN-PEDREROS, S., MARMONTEL, M., SANTOS, M.C.O., ROSSI-SANTOS, M., SANTOS, F.R. & BAKER, C.S. 2007. Taxonomic status of the genus *Sotalia*: Species level ranking for “Tucuxi” (*Sotalia fluviatilis*) and “Costero” dolphins (*Sotalia guianensis*). *Marine Mammal Science*, 23: 358-386.
- 2010b. Mitochondrial DNA diversity, differentiation and phylogeography of the South American riverine and coastal dolphins *Sotalia fluviatilis* and *Sotalia guianensis*. *Latin American Journal of Aquatic Mammals*, 8: 69-79.
- CABALLERO, S., TRUJILLO, F., RISCO, A., HERRERA, O. & FERRER, A. 2017. Genetic identity of *Sotalia* dolphins from the Orinoco River. *Marine Mammal Science*, 33: Doi: 10.1111/mms.12422.
- CABALLERO, S., TRUJILLO, F., RUIZ-GARCÍA, M., VIANNA, J., MARMONTEL, M., SANTOS, F.R. & BAKER, C.S. 2010a. Population structure and phylogeography of tucuxi dolphins (*Sotalia fluviatilis*). In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Biology, Evolution, and Conservation of River Dolphins within South America and Asia*. Nova Science Publishers, Inc., New York: 285-299.
- CABRERA, A. 1963. Los félidos vivientes de la República Argentina. *Ciencias Zoológicas*, VI (5): 1-167.
- CAHILL, J.A., GREEN, R.E., FULTON, T.L., STILLER, M., JAY, F., et al. 2013. Genomic Evidence for Island Population Conversion Resolves Conflicting Theories of Polar Bear Evolution. *PLoS Genet*, 9: e1003345.
- CAIN, C.M., LIVIERI, T.M. & SWANSON, B.J. 2011. Genetic evaluation of a reintroduced population of black-footed ferrets (*Mustela nigripes*). *Journal of Mammalogy*, 92: 751-759.
- CERVANTES, F.A., ARCANGELI, J., HORTELANO-MONCADA, Y. & BORISENKO, A.V. 2010. DNA barcodes effectively identify the morphologically similar Common Opossum (*Didelphis marsupialis*) and Virginia Opossum (*Didelphis virginiana*) from areas of sympatry in Mexico. *Mitochondrial DNA*, 21: 44-50.
- CLOZATO, C.L., MAZZONI, C.J., MORAES-BARROS, N., MORGANTE, J.S. & SOMMER, S. 2015. Spatial pattern of adaptive and neutral genetic diversity across different biomes in the lesser anteater (*Tamandua tetradactyla*). *Ecology and Evolution*, 5: 4932-4948.
- CLOZATO, C.L., MIRANDA, F.R., LARA-RUIZ, P., COLLEVATTI, R.G. & SANTOS, F.R. 2017. Population structure and genetic diversity of the giant anteater (*Myrmecophaga tridactyla*: Myrmecophagidae, Pilosa) in Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 40: 50-60.
- COLLEVATTI, R.G., LEITE, K.C.E., DE MIRANDA, G.H.B. & RODRIGUES, F.H.G. 2007. Evidence of high inbreeding in a population of the endangered giant anteater, *Myrmecophaga tridactyla* (Myrmecophagidae), from Emas National Park, Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 30: 112-120.
- COIMBRA, R.T.F., MIRANDA, F.R., CLOZATO, C.L., SCHEITINO, M.A.A. & SANTOS, F.R. 2017. Phylogeographic history of South American populations of the silky anteater *Cyclopes didactylus* (Pilosa: Cyclopedidae). *Genetics and Molecular Biology*, 40: 40-49.
- CORANDER, J., MARTTINEN, P., SIRÉN, J. & TANG, J. 2008. Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. *BMC Bioinformatics*, 9: 539.
- CORANDER, J., SIRÉN, J. & ARJAS, E. 2006. Bayesian Spatial Modelling of Genetic Population Structure. *Computational Statistics*, 23: 111-129.
- CORTÉS-ORTIZ, L., BERMINGHAM, E., RICO, C., RODRÍGUEZ-LUNA, E., SAMPAIO, I. & RUIZ-GARCÍA, M. 2003. Molecular Systematics and biogeography of the Neotropical monkey genus, *Alouatta*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 26: 64-81.
- COSSÍOS, E.D., LUCHERINI, M., RUIZ-GARCÍA, M. & ANGERS, B. 2009. Influence of ancient glacial periods on the Andean fauna: the case of the Pampas cat (*Leopardus colocolo*). *BMC Evolutionary Biology*, 9: 68-79.
- COSSÍOS, E.D., WALKER, S., LUCHERINI, M., RUIZ-GARCÍA, M. & ANGERS, B. 2012. Between high-altitude islands and high-altitude corridors. The population structure of the Andean cat (*Leopardus jacobita*). *Endangered Species Research*, 16: 283-294.
- COZZOL, M.A., CLOZATO, C.L., HOLANDA, E.C., RODRIGUES, F.H.G., NIENOW, S., THOISY, B., REDONDO, R.A.F. & SANTOS, F.R. 2013. A new species of tapir from the Amazon. *Journal of Mammalogy*, 94: 1331-1345.
- CRACRAFT, J. 1983. Species concepts and speciation analysis. In: JOHNSTON, R.J. Ed. *Current ornithology Vol 1*. Plenum Press, New York: 159-187.
- CRANDALL, K.A., BININDA-EMONDS, O.R.P., MACE, G.M. & WAYNE, R.K. 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology and Evolution*, 15: 290-295.
- CRUZ-SALAZAR, B., RUIZ-MONTOYA, L., NAVARRETE-GUTIÉRREZ, D., ESPINOZA-MEDINILLA, E., VÁZQUEZ-DOMÍNGUEZ, E. & VÁZQUEZ, L.-B. 2014. Diversidad genética y abundancia relativa de *Didelphis marsupialis* y *Didelphis virginiana* en Chiapas, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 85, 251-261.
- CRUZ-SALAZAR, B., RUIZ-MONTOYA, L., VÁZQUEZ-DOMÍNGUEZ, E., NAVARRETE-GUTIÉRREZ, D., ESPINOZA-MEDINILLA, E. & VÁZQUEZ, L.B. 2016. Genetic diversity of *Didelphis virginiana* related to diffe-

- rent levels of disturbance in the Highlands and the Central Depression regions of Chiapas, Mexico. *Journal of Tropical Ecology*, 32: 146-157.
- CULVER, M., JOHNSON, W.E., PECON-SLATTERY, J. & O'BRIEN, S.J. 2000. Genomic ancestry of the American puma (*Puma concolor*). *Journal of Heredity*, 91: 186-197.
- CUNHA, H.A., DA SILVA, V.M.F., LAILSON-BRITO, J.J., SANTOS, M.C.O., FLORES, P.A.C., MARTIN, A.R., AZEVEDO, A.F., FRAGOSO, A.B.L., ZANELATTO, R.C. & SOLÉ-CAVA, A.M. 2005. Riverine and Marine Ecotypes of *Sotalia fluviatilis* are different Species. *Marine Biology*, 148: 449-457.
- CUNHA, H.C., DA SILVA, V.M.F. & SOLÉ-CAVA, A.M. 2010. Molecular Ecology and Systematics of *Sotalia* Dolphins. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Biology, Evolution, and Conservation of River Dolphins within South America and Asia*. Nova Science Publishers, New York: 261-283.
- DEGEN, B. & SCHOLZ, F. 1998. Spatial genetic differentiation among populations of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Western Germany as identified by geostatistical analysis. *Forest Genetics*, 5: 191-199.
- DEGEN, B., PETIT, R. & KREMER, A. 2001. SGS - Spatial Genetic Software: A computer program for analysis of spatial genetic and phenotypic structures of individuals and populations. *Journal of Heredity*, 92: 447-448.
- D'ELÍA, G., ORTLOFF, A., SÁNCHEZ, P., GUIÑEZ, B. & VARAS, V. 2013. A new geographic record of the endangered Darwin's fox *Lycalopex fulvipes* (Carnivora: Canidae): filling the distributional gap. *Revista Chilena de Historia Natural*, 86: 485-488.
- DE OLIVEIRA, L.R., HOFFMAN, J.I., HINGST-ZAHER, E., MAJLUF, P., MUELBERT, M.M.C., MORGANTE, J.S. & AMOS, W. 2008. Morphological and genetic evidence for two evolutionarily significant units (ESUs) in the South American fur seal, *Arctocephalus gazella*. *Conservation Genetics*, 9: 1451-1466.
- DE VIVO, M. & CARMIGNOTTO, A.P. 2015. Suborder Sciuromorpha Brandt, 1855. Infraorder Sciurida Carus, 1868. In: PATTON, J.L., PARDIÑAS, U.F.J. & D'ELÍA, G. Eds. *Mammals of South America: Volume 2. Rodents*. The University of Chicago Press, Chicago: 1-48.
- DOBZHANSKY, Th. 1955. *Evolution, Genetics, & Man*. Wiley & Sons, New York.
- DUARTE, J.M., GONZÁLEZ, S. & MALDONADO, J.E. 2008. The surprising evolutionary history of South American deer. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49: 17-22.
- DUPANLOUP, I., SCHNEIDER, S. & EXCOFFIER, L. 2002. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Molecular Ecology*, 11: 2571-2581.
- DURBIN, J. & WATSON, G.S. 1950. Testing for serial correlation in least squares regression. I. *Biometrika*, 37: 409.
- EDMANDS, S. & DEIMLER, J.K. 2004. Local adaptation, intrinsic coadaptation and the effects of environmental stress on interpopulation hybrids in the copepod *Tigriopus californicus*. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 303: 183-196.
- EL ALQAMY, H., SENN, H., ROBERTS, M-F., MCEWING, R. & OGDEN, R. 2012. Genetic assessment of the Arabian oryx founder population in the Emirate of Abu Dhabi, UAE: an example of evaluating unmanaged captive stocks for reintroduction. *Conservation Genetics*, 13: 79-88.
- ELMEER, K., ALMALKI, A., MOHRAN, K.A., AL-QAHTANI, K.N. & ALMARRI, M. 2012. DNA barcoding of *Oryx leucoryx* using the mitochondrial cytochrome C oxidase gene. *Genetics and Molecular Research*, 11: 539-547.
- ESCOBEDO-MORALES, L.A., MANDUJANO, S., EGUIARTE, L.E., RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ, M.A. & MALDONADO, J.E. 2016. First phylogenetic analysis of Mesoamerican brocket deer *Mazama pandora* and *Mazama temama* (Cetartiodactyla: Cervidae) based on mitochondrial sequences: Implications on Neotropical deer evolution. *Mammalian Biology*, 81: 303-313.
- EIZIRIK, E., BONATTO, S.L., JOHNSON, W.E., CRAWSHAW JR., P.G., VIÉ, J.C., BROUSSET, D.M., O'BRIEN, S.J. & SALZANO, F.M. 1998. Phylogeographic patterns and evolution of the mitochondrial DNA control region in two Neotropical cats (Mammalia, Felidae). *Journal of Molecular Evolution*, 47: 613-624.
- EIZIRIK, E., KIM, J., MENOTTI-RAYMOND, M., CRAWSHAW JR., P.G., O'BRIEN, S.J. & JOHNSON, W.E. 2001. Phylogeography, population history and conservation genetics of jaguars (*Panthera onca*, Mammalia, Felidae). *Molecular Ecology* 10: 65-79.
- EIZIRIK, E., HAAG, T., SANTOS, A.S., SALZANO, F.M., SILVEIRA, L., AZEVEDO, F.C.C. & FURTADO, M. 2008. Jaguar conservation genetics. *Cat News, Special Issue*, 4: 31-34.
- FALUSH, D., STEPHENS, M. & PRITCHARD, J.K. 2007. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes*, 7: 574-578.
- FIGUEIREDO, M.G., CERVINI, M., RODRIGUES, F.P., EIZIRIK, E., AZEVEDO, F.C., CULLEN JR., L., CRAWSHAW JR., P.G. & GALETTI JR., P.M. 2015. Lack of population genetic structuring in ocelots (*Leopardus pardalis*) in a fragmented landscape. *Diversity*, 7: 295-306.
- FOODEN, J. 1963. A revision of the woolly monkeys (genus *Lagothrix*). *Journal of Mammalogy*, 44: 213-247.
- FREELAND, J.R. 2005. *Molecular Ecology*. John Wiley & Sons Ltd, Chichester, England.
- FRUTOS, S.D. & VAN DEN BUSSCHE, R.A. 2002. Genetic diversity and gene flow in nine-banded armadillos in Paraguay. *Journal of Mammalogy*, 83: 815-823.
- FUENTES-HURTADO, M., MARÍN, J.C., GONZÁLEZ-ACUÑA, D., VERDUGO, C., VIDAL, F. & VIANNA, J.A. 2011. Molecular divergence between insular and continental Pudu deer (*Pudu pudu*) populations in the Chilean Patagonia. *Studies on Neotropical Fauna and Environment*, 46: 23-33.
- GABRIEL, K.R. & SOKAL, R.R. 1969. A new statistical approach to geographic variation analysis. *Systematic Zoology*, 18: 259-278.

- GILBERT, C., ROPIQUET, A. & HASSANIN, A. 2006. Mitochondrial and nuclear phylogenies of Cervidae (Mammalia, Ruminantia) systematics, morphology, and biogeography. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40: 101-117.
- GILK, S.E., WANG, I.A., HOOVER, C.L., SMOKER, W.W., TAYLOR, S.G., GRAY, A.K. & GHARRETT, A.J. 2004. Outbreeding depression in hybrids between spatially separated pink salmon, *Oncorhynchus gorbuscha*, populations: marine survival, homing ability and variability in family size. *Environmental Biology of Fishes*, 69: 287-297.
- GÓNGORA, J., MORALES, S., BERNAL, J.E. & MORAN, C. 2006. Phylogenetic divisions among Collared peccaries (*Pecari tajacu*) detected using mitochondrial and nuclear sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 41: 1-11.
- GONZÁLEZ, B.A., OROZCO-TERWENGEL, P., VON BORRIES, R., JOHNSON, W.E., FRANKLIN, W.L. & MARÍN, J.C. 2014. Maintenance of genetic diversity in an introduced island population of guanacos after seven decades and two severe demographic bottlenecks: Implications for Camelid conservation. *PLoS ONE*, 9: e91714.
- GONZÁLEZ, S., MALDONADO, J.E., LEONARD, J.A., VILA, C., DUARTE, J.M., MERINO, M., BRUM-ZORRILLA, N. & WAYNE, R.K. 1998. Conservation genetics of the endangered Pampas deer (*Ozotoceros bezoarticus*). *Molecular Ecology*, 7: 47-56.
- GONZÁLEZ, S., MALDONADO, J.E., ORTEGA, J., TALARICO, C.A., BIDEGARAY-BATISTA, L., GARCÍA, J.E. & DUARTE, J.M.B. 2009. Identification of the endangered small red brocket deer (*Mazama bororo*) using noninvasive genetic techniques (Mammalia; Cervidae). *Molecular Ecology Resources*, 9: 754-758.
- GRAVENA, W., FARIAS, I.P., DA SILVA, M.N.F., DA SILVA, V.M.F. & HRBEK, T. 2014. Looking to the past and the future: were the Madeira River rapids a geographical barrier to the boto (Cetacea: Iniidae)? *Conservation Genetics*, 15: 619-629.
- GRAVENA, W., DA SILVA, V.M.F., DA SILVA, M.N.F., FARIAS, I.P. & HRBEK, T. 2015. Living between rapids: genetic structure and hybridization in botos (Cetacea: Iniidae: *Inia* spp.) of the Madeira River, Brazil. *Biological Journal of Linnean Society*, 114: 764-777.
- GREGORIUS, H.R. 1978. The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. *Mathematical Bioscience*, 41: 253-271.
- GROVES, C.P. 2001. *Primate Taxonomy*. Washington, DC: Smithsonian Institution Press.
- GUILLOT, F., MORTIER, C. & ESTOUP, A. 2005. Geneland: A computer package for landscape genetics. *Molecular Ecology Notes*, 5: 708-711.
- GUTIÉRREZ, E.E., MALDONADO, J.E., RADOSAVLJEVIC, A., MOLINARI, J., PATTERSON, B.D., MARTÍNEZ-C, J.M., RUTTER, A.R., HAWKING, M.T.R., GARCÍA, F.J. & HELGEN, K.M. 2015. The taxonomic status of *Mazama bricenii* and the significance of the Táchira depression for mammalian endemism in the Cordillera de Mérida Venezuela. *PLoS One*, 10: e0129113.
- HAAG, T., SANTOS, A.S., SANA, D.A., MORATO, R.G., CULLEN JR, L., CRAWSHAW JR, P.G., DE ANGELO, C., DI BITETTI, M.S., SALZANO, F.M. & EIZIRIK, E. 2010. The effect of habitat fragmentation on the genetic structure of a top predator: loss of diversity and high differentiation among remnant populations of Atlantic forest jaguars (*Panthera onca*). *Molecular Ecology* 19: 1000-1016.
- HARDING, L.E., HEFFELFINGER, J., PAETKAU, D., RUBIN, E., DOLPHIN, J. & AOUDE, 2016. Genetic management and setting recovery goals for Mexican wolves (*Canis lupus baileyi*) in the wild. *Biological Conservation*, 203: 151-159.
- HARDY, O.J. & VEKEMANS, X. 2002. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*, 2: 618-620.
- HASSANIN, A., DELSUC, F., ROPIQUET, A., HAMMER, C., VAN VUUREN, B.J., MATHTHEE, C., RUIZ-GARCÍA, M., CATZEFLIS, F., ARESKOUG, V., NGUYEN, T.T. & COULOUX, A. 2012. Pattern and timing of diversification of Cetartiodactyla (Mammalia, Laurasiatheria), as revealed by a comprehensive analysis of mitochondrial genomes. *Comptes Rendus de L'Academie des Sciences, Biologies*, 335: 32-50.
- HEBERT, P.D.N., CYWINSKA, A., BALL, S.L. & DE WAARD, J.R. 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings Royal Society London B*, 270: 313-21.
- HEBERT, P.D.N., RATNASINGHAM, S. & DE WAARD, J.R. 2003b. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit I divergences among closely related species. *Proceedings Royal Society London B*, 270 (Suppl.): S96-9.
- HEBERT, P.D.N., PENTON, E.H., BURNS, J.M., JANZEN, D.H. & HALLWACHS, W. 2004a. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the Neotropical skipper butterfly *Astrartes fulgerator*. *Proceedings National Academy Science USA*, 101: 14812-14817.
- HEBERT, P.D. N, STOECKLE, M.Y., ZEMLAK, T.S. & FRANCIS, C.M. 2004b. Identification of birds through DNA barcodes. *PLoS Biology*, 2: 1657-1663.
- HEDRICK, P.W., MILLER, P.S., GEFFEN, E. & WAYNE R. 1997. Genetic Evaluation of the Three Captive Mexican WOLF Lineages. *Zoo Biology*, 16: 47-69.
- HERRON, M.D., CASTOE, T.A. & PARKINSON, C.L. 2004. Sciurid phylogeny and the paraphyly of Holarctic ground squirrels (*Spermophilus*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 31: 1015-1030.
- HERSHKOVITZ, P. 1949. Mammals of northern Colombia. Preliminary report n° 4: Monkeys (Primates), with taxonomic revisions of some forms. *Proceedings United States National Museum*, 98: 323-427.
- HEY, J., WAPLES, R.S., ARNOLD, M.L., BUTLIN, R.K. & HARRISON, R.G. 2003. Understanding and confronting species uncertainty in biology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 18: 597-603.



- HILBORN, R., QUINN, T.P., SCHINDLER, D.E. & ROGERS, D.E. 2003. Biocomplexity and fisheries sustainability. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 100: 6564-6568.
- HOBBS, R.J. & MOONEY, H.A. 1998. Broadening the extinction debate: population deletions and additions in California and Western Australia. *Conservation Biology*, 12: 271-283.
- HOLLATZ, C., FLACH, L., SCOTT BAKER, C. & SANTOS, F.R. 2011a. Microsatellite data reveal fine genetic structure in male Guiana dolphins (*Sotalia guianensis*) in two geographically close embayments at south-eastern coast of Brazil. *Marine Biology*, 158: 927-933.
- HOLLATZ, C., VILACA, S.T., REDONDO, R.A.F. et al. 2011b. The Amazon River system as an ecological barrier driving genetic differentiation of the pink dolphin (*Inia geoffrensis*). *Biological Journal of Linnean Society*, 102: 812-827.
- HOULDEN, B.A., COSTELLO, B.H., SHARKEY, D., et al. 1999. Phylogeographic differentiation in the mitochondrial control region in the koala, *Phascolarctos cinereus* (Goldfuss 1817). *Molecular Ecology*, 8: 999-1011.
- HRBEK, T., DA SILVA, V.M.F., DUTRA, N., GRAVENA, W., MARTIN, A.R. & FARIAS, I.P. 2014. A new species of river dolphin from Brazil or: how little do we know our biodiversity. *PLoS One*, 9: 1-12.
- HUGHES, J.B., DAILY, G.C. & EHRLICH, P.R. 1997. Population diversity: its extent and extinction. *Science*, 278: 689-692.
- ISAAC, J.B., MALLET, J. & MACE, G.M. 2004. Taxonomic inflation: its influence on macroecology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 19: 464-469.
- ISAAKS, E.H. & SRIVASTAVA, R.M. 1989. *An introduction to applied geostatistics*. Oxford University Press, New York.
- IYENGAR, A., GILBERT, T., WOODFINE, T., KNOWLES, J.M., DINIZ, F.M., BRENNEMAN, R.A., LOUIS, E.E. JR, & MACLEAN, N. 2007. Remnants of ancient genetic diversity preserved within captive groups of scimitar-horned oryx (*Oryx dammah*). *Molecular Ecology*, 16: 2436-2449.
- JANECKA, J.E., WALKER, C.W., TEWES, M.E., CASO, A., LAACK, L.L. & HONEYCUTT, R.L. 2007. Phylogenetic relationships of ocelot (*Leopardus pardalis albescens*) populations from the Tamaulipan biotic province and implications for recovery. *The Southwestern Naturalist*, 52: 89-96.
- JANECKA, J.E., TEWES, M.E., LAACK, L.L., GRASSMAN, L.I., HAINES, A.M., et al. 2008. Small effective population sizes of two remnant ocelot populations (*Leopardus pardalis albescens*) in the United States. *Conservation Genetics*, 9: 869-878.
- JANECKA, J.E., TEWES, M.E., LAACK, L., CASO, A., GRASSMAN, L.I., et al. 2014. Loss of genetic diversity among ocelots in the United States during the 20th Century linked to human induced population reductions. *PLoS ONE*, 9: e89384.
- JANSA, S.A. & VOSS, R.S. 2000. Phylogenetic studies on didelphid marsupials I. Introduction and preliminary results from nuclear *IRBP* gene sequences. *Journal of Mammalian Evolution*, 7: 43-77.
- JIMÉNEZ-GONZÁLEZ S., RUIZ-GARCÍA, M., MALDONADO, J., et al. 2017. Genetic Characterization of Jaguars (*Panthera onca*) in Captivity in Zoological Parks of Colombia. In *Big Cats*. Rijeka: InTech Open (in press).
- KADWELL, M., FERNÁNDEZ, M., STANLEY, H.F., BALDI, R., WHEELER, J.C., ROSADIO, R. & BRUDFORD, M.W. 2001. Genetic analysis reveals the wild ancestors of the llama and the alpaca. *Proceedings of the Royal Society of London, Serie B*, 268: 2575-2584.
- KARTAVRSEV, Y. 2011. Divergence at *Cyt-b* and *Co-1* mtDNA genes on different taxonomic levels and genetics of speciation in animals. *Mitochondrial DNA*, 22: 55-65.
- KNOWLES, L.L. & MADDISON, W.P. 2002. Statistical phylogeography. *Molecular Ecology*, 11: 2623-2635.
- KOEN, E.L., BOWMAN, J., LALOR, J.L. & WILSON, D.E. 2014. Continental-scale assessment of the hybrid zone between bobcat and Canada lynx. *Biological Conservation*, 178: 107-115.
- KONKEL, M.K., WALKER, J.A. & BATZER, M.A. 2010. LINES and SINES of Primate evolution. *Evolutionary Anthropology*, 19: 236-249.
- KYLE, C.J., JOHNSON, A.R., PATTERSON, B.R. et al. 2006. Genetic nature of eastern wolves: past, present and future. *Conservation Genetics*, 7: 273-287.
- LAU, A.N., PENG, L., GOTO, H., CHEMNICK, L., RYDER, O.A. & MAKOVA, K.D. 2009. Horse Domestication and Conservation Genetics of Przewalski's Horse Inferred from Sex Chromosomal and Autosomal Sequences. *Molecular Biology and Evolution*, 26: 199-208.
- LEAKEY, R. & LEWIN, R. 1995. *The Sixth Extinction: Patterns of Life and the Future of Humankind*. Doubleday, New York.
- LECIS, R., PIERPAOLI, M., BIRÓ, Z.S., SZEMETHY, L., RAGNI, B., et al. 2006. Bayesian analyses of admixture in wild and domestic cats (*Felis silvestris*) using linked microsatellite loci. *Molecular Ecology*, 15: 119-131.
- LEHMAN, N., EISENHAWER, A., HANSEN, K., et al. 1991. Introgression of coyote mitochondrial DNA into sympatric North American gray Wolf populations. *Evolution*, 45: 104-119.
- LEITE, Y.L.R., et al. 2011. Designation of a neotype for the Brazilian porcupine, *Coendou prehensilis* (Linnaeus, 1758). *Zootaxa*, 2791: 30-40.
- LIM, B.K. 2012. Preliminary assessment of Neotropical mammal DNA barcodes: An underestimation of biodiversity. *The Open Zoology Journal*, 5: 10-17.
- LOPES, F., HOFFMAN, J.I., VALIATI, V.H., BONATTO, S.L., WOLF, J.B.W., TRILLMICH, F. & OLIVEIRA, L.R. 2015. Fine-scale matrilineal population structure in the Galapagos fur seal and its implications for conservation management. *Conservation Genetics*, 16: 1099-1113.
- LUCK, G.W., DAILY, G.C., & EHRLICH, P.R. 2003. Population diversity and ecosystem services. *Trends in Ecology and Evolution*, 18: 331-336.

- LYNCH ALFARO, J.W., BOUBLI, J.P., OLSON, L.E., et al. 2012. Explosive Pleistocene range expansion leads to widespread Amazonian sympatry between robust and gracile capuchin monkeys. *Journal of Biogeography*, 39: 272-288.
- MALIK, S., WILSON, P.J., SMITH, R.J., LAVIGNE, D.M. & WHITE, B.N. 1997. Pinniped penises in trade: a molecular-genetic investigation. *Conservation Biology*, 11: 1365-1374.
- MANEL, S., BERTHIER, P. & LUIKART, G. 2002. Detecting wildlife poaching: identifying the origin of individuals using Bayesian assignment tests and multi-locus genotypes. *Conservation Biology*, 16: 650-657.
- MANEL, S., SCHWARTZ, M.K., LUIKART, G. & TABERLET, P. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution*, 18: 189-197.
- MANLY, B.F.J. 1997. *Randomization, Bootstrap and Monte Carlo Methods in Biology*. Chapman & Hall, London.
- MANNI, F., GUERARD, E. & HEYER, E. 2004. Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by using MONMONIER's algorithm. *Human Biology*, 76: 173-190.
- MARIN, J.C., CASEY, C.S., KADWELL, M., YAYA, K., HOCES, D., OLAZABAL, J., ROSADIO, R., RODRIGUEZ, J., SPOTORNO, A., BRUFORD, M.W. & WHEELER, J.C. 2007. Mitochondrial phylogeography and demographic history of the vicuña: implications for conservation. *Heredity*, 99: 70-80.
- MARIN, J.C., SPOTORNO, A.E., GONZÁLEZ, B.A., BONACIC, C., WHEELER, J.C., CASEY, C.S., BRUFORD, M.W., PALMA, R.E. & POULIN, E. 2008. Mitochondrial DNA variation and systematics of the guanaco (*Lama guanicoe*, Artiodactyla: Camelidae). *Journal of Mammalogy*, 89: 269-281.
- MARIN, J.C., VARAS, V., VILA, A.R., LÓPEZ, R., OROZCO-TERWENDEL, P. & CORTI, P. 2013a. Refugia in Patagonian fjords and the eastern Andes during the Last Glacial Maximum revealed by huemul (*Hippocamelus bisulcus*) phylogeographical patterns and genetic diversity. *Journal of Biogeography*, 40: 2285-2298.
- MARIN, J.C., GONZÁLEZ, B.A., POULIN, E., CASEY, C.S. & JOHNSON, W.E. 2013b. The influence of the arid Andean high plateau on the phylogeography and population genetics of guanaco (*Lama guanicoe*) in South America. *Molecular Ecology*, 22: 463-482.
- MÁRQUEZ, A., MALDONADO, J.E., GONZÁLEZ, S., BECCACECI, M.D., GARCIA, J.E. & DUARTE, J.M.B., 2006. Phylogeography and Pleistocene demographic history of the endangered marsh deer (*Blastocercus dichotomus*) from the Río de la Plata Basin. *Conservation Genetics*, 7: 563-575.
- MARR, A.B., KELLER, L.F. & ARCESE, P. 2002. Heterosis and outbreeding depression in descendants of natural immigrants to an inbred population of song sparrows (*Melospiza melodia*). *Evolution*, 56: 131-142.
- MARTÍNEZ-AGÜERO, M., FLORES-RAMÍREZ, S. & RUIZ-GARCÍA, M. 2006. First report for the Major Histocompatibility complex (MHC) Class II loci from the Amazon Pink river dolphin (genus *Inia*). *Genetics and Molecular Research*, 5: 421-431.
- 2010. Amazon river dolphin polymorphism and population differentiation of MHC class II peptides. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Biology, Evolution, and Conservation of River Dolphins within South America and Asia*. Nova Science Publishers; New York: 117-130.
- MATULA, D.W. & SOKAL, R.R. 1980. Properties of GABRIEL graphs relevant to geographic variation research and the clustering of points in the plane. *Geographical Analyses*, 12: 205-222.
- MAUDET, C., LUIKART, G. & TABERLET, P. 2001. Development of microsatellite multiplexes for wild goats using primers designed from domestic Bovidae. *Genetics Selection Evolution*, 33: S193-S203.
- MAUDET, C., MILLER, C., BASSANO, B., et al. 2002. Microsatellite DNA and recent statistical methods in wildlife conservation management: applications in Alpine ibex [*Capra ibex* (Ibex)]. *Molecular Ecology*, 11: 421-436.
- MAYR, E. 1942. *Systematics and the Origin of Species*. Columbia University Press. New York, USA.
- 1963. *Animal Species and Evolution*. The Belknap Press of Harvard University Press, Cambridge, Massachusetts, USA.
- MERCER, J.M. & ROTH, L. 2003. The effects of Cenozoic global change on squirrel phylogeny. *Science*, 299: 1568-1572.
- MILLER, M.P. 2005. Alleles In Space: Computer software for the joint analysis of interindividual spatial and genetic information. *Journal of Heredity*, 96: 722-724.
- MITTERMEIER, R.A., DE MACEDO RUIZ, H. & LUSCOMBE, A. 1975. A woolly monkey rediscovered in Peru. *Oryx*, 13: 41-46.
- MITTERMEIER, R.A., DE MACEDO RUIZ, H., LUSCOMBE, A. & CASSIDY, J. 1977. Rediscovery and conservation of the Peruvian yellow-tailed woolly monkey (*Lagothrix flavicauda*). In: RAINIER OF MONACO & BOURNE, G. Eds. *Primate Conservation*. Academic Press: New York: 99-115.
- MOLINA, M. & MOLINARI, J. 1999. Taxonomy of Venezuelan White-tailed Deer (*Odocoileus*, Cervidae, Mammalia), based on cranial and mandibular traits. *Canadian Journal of Zoology*, 77: 632-645.
- MOLINARI, J. 2007. Variación geográfica en los venados de cola blanca (Cervidae, *Odocoileus*) de Venezuela, con énfasis en *O. margaritae*, la especie enana de la Isla de Margarita. *Memoria de la Fundación La Salle de Ciencias Naturales*, 167: 29-72.
- MONMONIER, M.S. 1973. Maximum-difference barriers: an alternative numerical regionalization method. *Geographical Analyses*, 5: 245-261.
- MORAN, P.A.P. 1950. Notes on continuous stochastic phenomena. *Biometrika*, 37: 17-23.

- MORAES-BARROS, N., SILVA, J.A.B., MIYAKI, C.Y. & MORGANTE, J.S. 2006. Comparative phylogeography of the Atlantic forest endemic sloth (*Bradypus torquatus*) and the widespread three-toed sloth (*Bradypus variegatus*) (Bradypodidae, Xenarthra). *Genetica*, 126: 189-198.
- MORAES-BARROS, N., MIYAKI, C.Y. & MORGANTE, J.S. 2007. Identifying management units in non-endangered species: the example of the sloth *Bradypus variegatus* Schinz, 1825. *Brazilian Journal of Biology*, 6: 829-837.
- MORITZ, C. 1994. Defining "evolutionarily significant units" for conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 9: 373-375.
- MORITZ, C. & CICERO, C. 2004. DNA barcoding: promise and pitfalls. *PLoS Biology*, 2: e354.
- MOSCARELLA, R.A., AGUILERA, M. & ESCALANTE, A.A. 2003. Phylogeography, population structure, and implications for conservation of White-tailed Deer (*Odocoileus virginianus*) in Venezuela. *Journal of Mammalogy*, 84: 1300-1315.
- MURRAY, J.L. & Gardner, G.L. 1997. *Leopardus pardalis*. *Mammalian Species*, 548: 1-10.
- NAPOLITANO, C., SANDERSON J., JOHNSON, W.E., O'BRIEN, S.J., et al. 2014. Population genetics of the felid *Leopardus guigna* in southern South America: Identifying intraspecific units for conservation. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of Neotropical Carnivores*. Nova Science Publishers Inc., New York: 159-186.
- NAPOLITANO, C., JOHNSON, W.E., SANDERSON J., O'BRIEN, S.J., et al. 2014. Phylogeography and population history of *Leopardus guigna*, the smallest American felid. *Conservation Genetics*, 15, 631-653.
- NEI, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 106: 283-292.
- NUNES, C., AYRES, J.M., SAMPAIO, I. & SCHNEIDER, H. 2006. Molecular discrimination of pouched four-eyed opossums from the Mamirauá Reserve in the Brazilian Amazon. *Genetics and Molecular Biology*, 29: 283-286.
- ODEN, N. 1984. Assessing the significance of a spatial correlogram. *Geographical Analyses*, 16: 1-16.
- ORLANDO, L., GINOLHAC, A., ZHANG, G., et al., 2013. Recalibrating *Equus* evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. *Nature*, 499: 74-81.
- OSTERHOLZ, M., WALTER, L. & ROOS, C. 2009. Retropositional events consolidate the branching order among New World monkey genera. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 50: 507-513.
- PAETKAU, D., CALVERT, W., STIRLING, I. & STROBECK, C. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology*, 4: 347-354.
- PAETKEAU D., SLADE, R., BARDEN, M. & ESTOUP, A. 2004. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology*, 13: 55-65.
- PÁLSSON, S. 2004. Isolation by distance, based on microsatellite data, tested with spatial autocorrelation (spaida) and assignment test (spassign). *Molecular Ecology Notes*, 4: 143-145.
- PALUMBI, S.R. & CIPRIANO, F. 1998. Species identification using genetic tools: the value of nuclear and mitochondrial gene sequences in whale conservation. *Journal of Heredity*, 89: 459-464.
- PATTON, J.L., DO REIS, S.F. & DA SILVA, M.N.F. 1996. Relationships among didelphid marsupials based on sequence variation in the mitochondrial cytochrome *b* gene. *Journal of Mammalian Evolution*, 3: 3-29.
- PEČNEROVÁ, P. & MARTINKOVÁ, N. 2012. Evolutionary history of tree squirrels (Rodentia, Sciurini) based on multilocus phylogeny reconstruction. *Zoologica Scripta*, 41: 211-219.
- PICKLES, R.S.A., GROOMBRIDGE, J.J., ZAMBRANA-ROJAS, V.D., VAN DAMME, P., et al. 2011. Phylogeography and identification of evolutionary significant units in the giant otter. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61: 616-627.
- PIRY S., ALAPETITE, A., CORNUET, J.M., PAETKAU, D., BAUDOUIN, B. & ESTOUP, A. 2004. GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity*, 95: 536-539.
- POLJAK, S., CONFALONIERI, V., FASANELLA, M., GABRIELLI, M. & LIZARRALDE, M. 2010. Phylogeography of the armadillo *Chaetophractus villosus* (Dasypodidae Xenarthra): post-glacial range expansion from Pampas to Patagonia (Argentina). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 55: 38-46.
- PRASAD, S., ALI, S.A., BANERJEE, P., JOSHI, J., SHARMA, U., VIJH, R.K. 2014. Identification of SNPs and their validation in camel (*Camelus bactrianus* and *Camelus dromedarius*). *IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science*, 7: 65-70.
- PRIMACK, R.B. 1998. *Essentials of Conservation Biology*. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- PRITCHARD, J.K., STEPHENS, M. & DONNELLY, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- PRODÖHL, P.A., LOUGHRY, W.J., MCDONOUGH, C.M., NELSON, W.S. & AVISE, J.C. 1998. Genetic maternity and paternity in a local population of armadillos assessed by microsatellite DNA markers and field data. *American Naturalist*, 151: 7-19.
- QUELLER, D.C. & GOODNIGHT, K.F. 1989. Estimating relatedness using genetic markers. *Evolution*, 43: 258-275.
- RANNALA B. & MOUNTAIN, J.L. 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 94: 9197-9201.
- RANDI, E., PIERPAOLI, M., BEAUMONT, M., RAGNI, B. & SFORZI, A. 2001. Genetic Identification of wild and domestic cats (*Felis silvestris*) and their hybrids using bayesian clustering methods. *Molecular Biology and Evolution*, 18: 1679-1693.

- REICH, D.E., WAYNE, R.K. & GOLDSTEIN, D.B. 1999. Genetic evidence for a recent origin by hybridization of red wolves. *Molecular Ecology*, 8: 139-144.
- REPENNING, C.A., PETERSON, S.R. & HUBBS, C.L. 1971. Contributions to the systematics of the southern fur seals, with particular reference to the Juan Fernandez and Guadalupe species. *Antarctic Research Series*, 18: 1-34.
- RHYMER, J.M. & SIMBERLOFF, D. 1996. Extinction by hybridization and introgression. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 27: 83-109.
- RIPLEY, B.D. 1981. *Spatial statistics*. Wiley, New York.
- ROCA, A.L., GEORGIADIS, N. & O'BRIEN, S.J. 2005. Cytonuclear genomic dissociation in African elephant species. *Nature Genetics*, 37: 96-100.
- ROBERT, J. 2000. Dossier Traffic Animal: la Mafia a l'assault de la nature. *Terre Sauvage*, 155: 35-50.
- ROELKE, M.E., MARTENSON, J.S. & O'BRIEN, S.J. 1993. The consequences of demographic reduction and genetic depletion in the endangered Florida panther. *Current Biology*, 3: 340-350.
- ROUSSET, F. 2000. Genetic differentiation between individuals. *Journal of Evolutionary Biology*, 13: 58-62.
- ROY, M.S., GEFFEN, E., SMITH, D., OSTRANDER, E.A. & WAYNE, R.K. 1994. Patterns of differentiation and hybridization in North American WOLF like canids, revealed by analysis of microsatellite loci. *Molecular Biology and Evolution*, 11: 553-570.
- ROY, M.S., GEFFEN, E., SMITH, D. & WAYNE, R.K. 1996. Molecular genetics of pre-1940 red wolves. *Conservation Biology*, 10: 1413-1424.
- RUEDA-ZOZAYA, P., MENDOZA-MARTÍNEZ, G., MARTÍNEZ-CÓMEZ, D., et al. 2016. Genetic variability and structure of jaguar (*Panthera onca*) in Mexican zoos. *Genetica*, 144: 59-69.
- RUIZ-GARCÍA, M. 1993. Analysis of the evolution and genetic diversity within and between Balearic and Iberian cat populations. *Journal of Heredity*, 84: 173-180.
- 1994. Genetic profiles from coat genes of natural Balearic cat populations: An Eastern Mediterranean and North-African origin. *Genetics Selection and Evolution*, 26: 39-64.
- 1997. Genetic relationships among some new cat populations sampled in Europe: a spatial autocorrelation analysis. *Journal of Genetics*, 76: 1-24.
- 2001. Diversidad genética como herramienta de zonificación ambiental: Estudios moleculares (microsatélites) en el caso de Primates y Félidos neotropicales comportan una nueva perspectiva. In: DEFLER, T. & PALACIOS, P.A. Eds. *Zonificación Ambiental para el Ordenamiento Territorial en la Amazonía Colombiana*. Universidad Nacional de Colombia, Bogotá DC: 85-108.
- 2003. Molecular population genetic analysis of the spectacled bear (*Tremarctos ornatus*) in the Northern Andean Area. *Hereditas*, 138: 81-93.
- 2005. The use of several microsatellite loci applied to 13 Neotropical Primates revealed a strong recent bottleneck event in the woolly monkey (*Lagothrix lagotricha*) in Colombia. *Primate Report*, 71: 27-55.
- 2010a. Changes in the demographic trends of pink river dolphins (*Inia*) at the micro-geographical level in Peruvian and Bolivian rivers and within the upper Amazon: microsatellites and mtDNA analyses and insights into *Inia*'s origin. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Biology, Evolution, and Conservation of River Dolphins within South America and Asia*. Nova Science Publishers Inc., New York: 161-192.
- 2010b. Micro-geographical genetic structure of *Inia geoffrensis* at the Napo-Curaray River basin by means of Chesser's models. In RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Biology, Evolution, and Conservation of River Dolphins within South America and Asia*. Nova Science Publishers Inc., New York: 131-160.
- 2013. The genetic demography history and phylogeography of the Andean bear (*Tremarctos ornatus*; Ursidae) by means of microsatellites and mt DNA markers. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of Neotropical Carnivores*. Nova Science Publishers Inc., New York: 129-158.
- RUIZ-GARCÍA, M. & ALVAREZ, D. 2003. RFLP analysis of mtDNA from six Platyrrhine genera: Phylogenetic inferences. *Folia Primatologica*, 74: 59-70.
- RUIZ-GARCÍA, M. & PINEDO-CASTRO, M. 2010. Molecular Systematics and Phylogeography of the genus *Lagothrix* (Atelidae, Primates) by means of mitochondrial *COII* gene. *Folia Primatologica*, 81: 109-128.
- 2013. Population genetics and phylogeographic analyses of the Jaguarundi (*Puma yagouaroundi*) by means of three mitochondrial markers: the first molecular population study of this species. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of Neotropical Carnivores*. Nova Science Publishers Inc., New York: 245-288.
- RUIZ-GARCÍA, M. & CASTILLO, M.I. 2016. Genetic structure, spatial patterns and historical demographic evolution of white-throated capuchin (*Cebus capucinus*, Cebidae, Primates) populations of Colombia and Central America by means of DNA microsatellites. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of the Neotropical Primates*. Nova Science Publishers Inc., New York: 135-172.
- RUIZ-GARCÍA, M., GARCÍA-PÉREA, R., GARCÍA, F.J. & GUZMÁN, Y.J.N. 2001. Primeros resultados sobre el análisis genético de poblaciones españolas de gato montés (*Felis silvestris*) y su posible hibridación con gatos domésticos (*Felis catus*). In: *V Jornadas de la SECEM*. SECEM, Vitoria.: 123-124.

- RUIZ-GARCÍA, M., CASTILLO, M.I. & ÁLVAREZ, D. 2004. Evolutionary trends of Neotropical Primates according to the AP68 and AP40 microsatellites. In: MENDES, S.L. & CHIARELLO, A.G. Eds. *A Primatologia no Brasil - volumen 8*. Museu de Biologia Prof. Mello Leitão, Santa Teresa, Espírito Santo, Brasil: 65-100.
- RUIZ-GARCÍA, M., OROZCO-TERWENGEL, P., PAYÁN, E. & CASTELLANOS, A. 2003. Genética de Poblaciones molecular aplicada al estudio de dos grandes carnívoros (*Tremarctos ornatus* - Oso andino, *Panthera onca*- jaguar): lecciones de conservación. *Boletín de la Real Sociedad Española de Historia Natural*, 98: 135-158.
- RUIZ-GARCÍA, M., OROZCO-TERWENGEL, P., CASTELLANOS, A. & ARIAS, L. 2005. Microsatellite analysis of the spectacled bear (*Tremarctos ornatus*) across its range distribution. *Genes and Genetics Systems*, 80: 57-69.
- RUIZ-GARCÍA, M., PARRA, A., ROMERO-ALEÁN, N., ESCOBAR-ARMEL, P. & SHOSTELL, J.M. 2006a. Genetic Characterization and phylogenetic relationships between the *Ateles* species (Atelidae, Primates) by means of DNA microsatellite markers and craniometric data. *Primate Report*, 73: 3-47.
- RUIZ-GARCÍA, M., PAYÁN, E., MURILLO, A. & ALVAREZ, D. 2006B. DNA Microsatellite characterization of the Jaguar (*Panthera onca*) in Colombia. *Genes and Genetics Systems*, 81: 115-127.
- RUIZ-GARCÍA, M., BANGUERA, E. & CÁRDENAS, H. 2006c. Morphological analysis of three *Inia* (Cetacea; Iniidae) populations from Colombian and Bolivia. *Acta Theriologica*, 51: 411-426.
- RUIZ-GARCÍA, M., ESCOBAR-ARMEL, P., ALVAREZ, D., MUDRY, M., ASCUNCE, M. & GUTIÉRREZ-ESPELETA, G. 2007a. Genetic variability in four *Alouatta* species measured by means of nine DNA microsatellite markers: Genetic structure and recent bottlenecks. *Folia Primatologica*, 78: 73-87.
- RUIZ-GARCÍA, M., MURILLO, A., CORRALES, C., ROMERO-ALEÁN, N. & ALVAREZ-PRADA, D. 2007b. Genética de Poblaciones Amazónicas: La historia evolutiva del jaguar, ocelote, delfín rosado, mono lanudo y piurí reconstruida a partir de sus genes. *Animal Biodiversity and Conservation*, 30: 115-130.
- RUIZ-GARCÍA, M., RANDI, E., MARTÍNEZ-AGÜERO, M. & ALVAREZ, D. 2007c. Relaciones filogenéticas entre géneros de ciervos neotropicales (Artiodactyla, Cervidae) mediante secuenciación de ADN mitocondrial y marcadores microsatelitales. *Revista de Biología Tropical. International Journal of Tropical Conservation and Biology*, 55: 723-741.
- RUIZ-GARCÍA, M., CABALLERO, S., MARTÍNEZ-AGÜERO, M. & SHOSTELL, J.M. 2008. Molecular differentiation among *Inia geoffrensis* and *Inia boliviensis* (Iniidae, Cetacea) by means of nuclear intron sequences. In: KOVEN, V.P. Ed. *Population genetics research progress*. Nova Science Publisher Inc., New York: 177-223.
- RUIZ-GARCÍA, M., PACHECO, L. & ALVAREZ, D. 2009. Caracterización genética del puma andino boliviano (*Puma concolor*) en el Parque Nacional Sajama y relaciones con otras poblaciones de pumas del nor-occidente de Sudamérica. *Revista Chilena de Historia Natural*, 82: 97-117.
- RUIZ-GARCÍA, M., LEGUIZAMÓN, N., VÁSQUEZ, C., RODRÍGUEZ, K. & CASTILLO, M.I. 2010a. Métodos genéticos para la reintroducción de *Saguinus*, *Aotus* y *Cebus* (Cebidae, Primates) decomisados en Bogotá, Colombia. *Revista de Biología Tropical*, 58: 1049-1067.
- RUIZ-GARCÍA, M., CASTILLO, M.I., VÁSQUEZ, C., RODRÍGUEZ, K., PINEDO-CASTRO, M., LEGUIZAMÓN, N. & SHOSTELL, J.M. 2010b. Molecular Phylogenetics and Phylogeography of the White-fronted capuchin (*Cebus albifrons*; Cebidae, Primates) by means of mt *COII* gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 57: 1949-1061.
- RUIZ-GARCÍA, M., VÁSQUEZ, C., CAMARGO, E., LEGUIZAMÓN, N., PINEDO-CASTRO, M., CASTELLANOS-MORA, L.F., VALLEJO, A., GÁLVEZ, H., ALVAREZ, D. & SHOSTELL, J.M. 2011. Molecular phylogeny inferences of the *Aotus* genus (Cebidae, Primates). *International Journal of Primatology*, 32: 1218-1241.
- RUIZ-GARCÍA, M., CASTILLO, M.I., LEDEZMA, A., SÁNCHEZ, R., CHINCHILLA, M. & GUTIÉRREZ-ESPELETA, G. 2012a. Molecular Systematics and Phylogeography of *Cebus capucinus* (Cebidae, Primates) in Colombia and Costa Rica by means of mt *COII* Gene. *American Journal of Primatology*, 74: 366-380.
- RUIZ-GARCÍA, M., VÁSQUEZ, C., CAMARGO, E., CASTELLANOS-MORA, L.F., GÁLVEZ, H., LEGUIZAMÓN, N. & SHOSTELL, J.M. 2012b. Molecular genetic analyses by means of the mt *COII* gene sequences showed illegal traffic of night monkeys (*Aotus*, Cebidae, Primates) in Colombia. *Journal of Primatology*, 2: 107-116.
- RUIZ-GARCÍA, M., CASTILLO, M.I., LICHILÍN, N. & PINEDO-CASTRO, M. 2012c. Molecular relationships and classification of several tufted capuchin lineages (*Cebus apella*, *C. xanthosternos* and *C. nigrurus*, Cebidae), by means of mitochondrial *COII* gene sequences. *Folia Primatologica*, 83: 100-125.
- RUIZ-GARCÍA, M., VÁSQUEZ, C., PINEDO-CASTRO, M., SANDOVAL, S., KASTON, J., THOISY, B. & SHOSTELL, J.M. 2012d. Phylogeography of the mountain tapir (*Tapirus pinchaque*) and the Central American tapir (*Tapirus bairdii*) and the molecular origins of the three South-American tapirs. In: ANANTHAWAT-JÓNSSON, K. Ed. *Current Topics in Phylogenetics and Phylogeography of Terrestrial and Aquatic Systems*. In Tech, Rijeka: 83-116.
- RUIZ-GARCÍA, M., VÁSQUEZ, C., MURILLO, A., PINEDO-CASTRO, M. & ALVAREZ, D. 2013a. Population Genetics and Phylogeography of the largest wild cat in the Americas: An analysis of the jaguar by means of microsatellites and mitochondrial gene sequences. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of Neotropical Carnivores*. Nova Science Publishers Inc., New York: 413-464.

RUIZ-GARCÍA, M.

- RUIZ-GARCÍA, M., CORRALES, C., PINEDO-CASTRO, M. 2013b. Craniometric and microsatellite genetic differentiation among putative ocelot subspecies (*Leopardus pardalis*) throughout Latin America. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of Neotropical Carnivores*. Nova Science Publishers Inc., New York: 289-332.
- RUIZ-GARCÍA, M., COSSÍOS, E.D., LUCHERINI, M., YÁÑEZ, F., PINEDO-CASTRO, M. & ANGERS, B. 2013c. Population genetics and spatial structure in two Andean cats (the Pampas cat, *Leopardus pajeros* and the Andean mountain cat, *L. jacobita*) by means of nuclear and mitochondrial markers and some notes on skull biometrics. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of Neotropical Carnivores*. Nova Science Publishers Inc., New York: 187-246.
- RUIZ-GARCÍA, M., LICHILÍN, N. & JARAMILLO, M.F. 2013d. Molecular phylogenetics of two Neotropical Carnivores, *Potos flavus* (Procyonidae) and *Eira Barbara* (Mustelidae): No clear existence of putative morphological subspecies. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of Neotropical Carnivores*. Nova Science Publishers Inc., New York: 37-84.
- RUIZ-GARCÍA, M., MEJIA, D., ESCOBAR-ARMEL, P., TEJADA-MARTÍNEZ, D. & SHOSTELL, J.M. 2013e. Molecular identification and historical demography of the marine tucuxi (*Sotalia guianensis*) at the Amazon River's mouth by means of the mitochondrial control region gene sequences and implications for conservation. *Diversity*, 5: 703-723.
- RUIZ-GARCÍA, M., ESCOBAR-ARMEL, P., LEGUIZAMÓN, N., MANZUR, P., PINEDO-CASTRO, M. & SHOSTELL, J.M. 2014a. Genetic characterization and structure of the endemic Colombian silvery brown bare-face tamarin, *Saguinus leucopus* (Callitrichinae, Cebidae, Primates). *Primates*, 55: 415-435.
- RUIZ-GARCÍA, M., PINEDO-CASTRO, M. & SHOSTELL, J.M. 2014b. How many genera and species of woolly monkeys (Atelidae, Platyrrhine, Primates) are?: First molecular analysis of *Lagothrix flavicauda*, an endemic Peruvian primate species. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 79: 179-198.
- RUIZ-GARCÍA, M., LUENGAS, K., LEGUIZAMÓN, N., THOISY, B. & GÁLVEZ, H. 2015a. Molecular Phylogenetics and Phylogeography of all the *Saimiri* species (Cebidae, Primates) inferred from mt *COI* and *COII* gene sequences. *Primates*, 56: 145-161.
- RUIZ-GARCÍA, M., CASTELLANOS, A., BERNAL, L.A., NAVAS, D., PINEDO-CASTRO, M. & SHOSTELL, J.M. 2015b. Mitochondrial gene diversity of the mega-herbivorous of the genus *Tapirus* (Tapiridae, Perissodactyla) in South America and some insights on their genetic conservation, systematics and the Pleistocene influence on their genetic characteristics. In: URBANO, K.V. Ed. *Advances In Genetics Research, Volume 14* Nova Science Publisher, New York: 1-51.
- RUIZ-GARCÍA, M., PINEDO-CASTRO, M., LUENGAS, K., VERGARA, C., RODRÍGUEZ, J.A. & SHOSTELL, J.M. 2015c. Molecular phylogenetics of the white-lipped peccary (*Tayassu pecari*), studied using mitochondrial control region sequences and microsatellites, did not confirm morphological subspecies in northwestern South America. *Genetics and Molecular Research*, 14: 5355-5378.
- RUIZ-GARCÍA, M., ESCOBAR-ARMEL, P., LEGUIZAMÓN, N. & SHOSTELL, J.M. 2016a. Genetic heterogeneity and evolutionary demographic history of the endemic Colombian *Saguinus leucopus* (Primates) by means of microsatellites and coalescence methods. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of the Neotropical Primates*. Nova Science Publishers Inc., New York: 91-114.
- RUIZ-GARCÍA, M., CASTILLO, M.I., LUENGAS, K. & LEGUIZAMÓN, N. 2016b. Invalidation of three robust capuchin species (*Cebus libidinosus pallidus*, *C. macrocephalus* and *C. fatuellus*; Cebidae, Primates) in the Western Amazon and Orinoco by analyzing DNA microsatellites. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of the Neotropical Primates*. Nova Science Publishers Inc., New York: 173-208.
- RUIZ-GARCÍA, M., CASTILLO, M.I. & LUENGAS, K. 2016c. It is misleading to use *Sapajus* (robust capuchins) as a genus?: A review of the evolution of the capuchins and suggestions on their systematics. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of the Neotropical Primates*. Nova Science Publishers Inc. New York: 209-268.
- RUIZ-GARCÍA, M., VALLEJO, A., CAMARGO, E., ALVAREZ, D., LEGUIZAMÓN, N. & GÁLVEZ, H. 2016d. Can mitochondrial DNA, nuclear microsatellite DNA and cranial morphometrics accurately discriminate different *Aotus* species (Cebidae)? Some insights on population genetics parameters and the phylogeny of the night monkeys. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of the Neotropical Primates*. Nova Science Publishers Inc., New York: 287-344.
- RUIZ-GARCÍA, M., ESCOBAR-ARMEL, P., MUDRY, M., ASCUNCE, M., GUTIÉRREZ-ESPELETA, G. & SHOSTELL, J.M. 2016e. Microsatellite DNA analyses of four *Alouatta* species (Atelidae, Primates): Evolutionary Microsatellite dynamics. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of the Neotropical Primates*. Nova Science Publishers Inc., New York: 369-394.
- RUIZ-GARCÍA, M., CERÓN, A., PINEDO-CASTRO, M. & GUTIÉRREZ-ESPELETA, G. 2016f. Which howler monkey (*Alouatta*, Atelidae, Primates) taxon is living in the Peruvian Madre de Dios River Basin (Southern Peru)? Results from mitochondrial gene analyses and some insights in the phylogeny of *Alouatta*. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics*,

- Evolutionary Biology and Biological Conservation of the Neotropical Primates*. Nova Science Publishers Inc., New York: 395-434.
- RUIZ-GARCÍA, M., LICHILÍN, N., ESCOBAR-ARMEL, P., RODRÍGUEZ, G.E. & GUTIÉRREZ-ESPELETA, G. 2016g. Historical Genetic demography and some insights into the systematics of *Ateles* (Atelidae, Primates) by means of diverse mitochondrial genes. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of the Neotropical Primates*. Nova Science Publishers Inc., New York: 435-476.
- RUIZ-GARCÍA, M., LUENGAS-VILLAMIL, K., LEAL, L., BERNAL-PARRA, L.M. & SHOSTELL, J.M. 2016h. Phylogenetics and phylogeography of two large Neotropical Rodents (Capybara, *Hydrochoerus hydrochaeris*, Hydrochoeridae and Paca, *Cuniculus paca*, Agoutidae; Rodentia) by means of mitochondrial genes: opposite patterns. In: URBANO, K.V. (Ed.) *Advances In Geneics Research, Volume 16*. Nova Science Publisher, New York: 151-200.
- RUIZ-GARCÍA, M., LUENGAS-VILLAMIL, K., PINEDO-CASTRO, M., LEAL, L., BERNAL-PARRA, L.M. & SHOSTELL, J.M. 2016i. Continuous Miocene, Pliocene and Pleistocene influences on mitochondrial diversification of the capybara (*Hydrochoerus hydrochaeris*; Hydrochoeridae, Rodentia): incapacity to determine exclusive hypotheses on the origins of the Amazon and Orinoco diversity for this species. *Journal of Phylogenetics and Evolutionary Biology*, 4: 1-20. doi: 10.4172/2329-9002.1000166.
- RUIZ-GARCÍA, M., VÁSQUEZ, C., SANDOVAL, S., KASTON, F., LUENGAS-VILLAMIL, K. & SHOSTELL, J.M. 2016j. Phylogeography and spatial structure of the lowland tapir (*Tapirus terrestris*, Perissodactyla: Tapiridae) in South America. *Mitochondrial DNA Part A*, 27: 2334-2342.
- RUIZ-GARCÍA, M., CASTELLANOS, A., BERNAL L.A., PINEDO-CASTRO, M., KASTON, F. & SHOSTELL, J.M. 2016k. Mitogenomics of the mountain tapir (*Tapirus pinchaque*, Tapiridae, Perissodactyla, Mammalia) in Colombia and Ecuador: Phylogeography and insights into the origin and systematics of the South American tapirs. *Mammalian Biology*, 81: 163-175.
- RUIZ-GARCÍA, M., CERÓN, A., SÁNCHEZ-CASTILLO, S., RUEDA-ZOZAYA, P., PINEDO-CASTRO, M., GUTIÉRREZ-ESPELETA, G. & SHOSTELL, J.M. 2017a. Phylogeography of the mantled howler monkey (*Alouatta palliata*; Atelidae, Primates) across its geographical range by means of mitochondrial gene analyses and some insights in the phylogeny of *Alouatta*. *Folia Primatologica* 88 (5): (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., SÁNCHEZ-CASTILLO, S., CASTILLO, M.I., LUENGAS, K., MORENO, P., PINTO, M. & SHOSTELL, J.M. 2017b. How many species, taxa or lineages of *Cebus albifrons* (Platyrrhini, Primates) are in Ecuador? :A mitochondrial genetics study. *Primates* (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., ALBINO, A., PINEDO-CASTRO, M. & SHOSTELL, J.M. 2017c. First molecular phylogenetics analysis of the *Lagothrix* taxon living in southern Peru and northern Bolivia: *Lagothrix lagotricha tschudii* (Atelidae, Primates), a new subspecies. *Molecular Phylogenetics and Evolution* (submitted).
- RUIZ-GARCÍA, M., ALBINO, A., PINEDO-CASTRO, M., CASTELLANOS, A. & SHOSTELL, J.M. 2017d. Invalidation of taxa within the Silvery Woolly Monkey (*Lagothrix lagotricha poeppigii*, Atelidae, Primates). *Neotropical Primates* (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., PINEDO-CASTRO, M., AVERSA, A. & OROZCO-TERWENGEL, P. 2017e. Molecular Phylogenetics and population genetics analyses of the jaguar (*Panthera onca*, Felidae) by means of microsatellites and mitogenomes throughout Latin America. *Frontiers in Ecology and Evolution* (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., PAYÁN E., PINEDO-CASTRO, M., TEJADA-MARTÍNEZ, D. & SHOSTELL, J.M. 2017f. Molecular population genetics of the puma (*Puma concolor*, Felidae) in North Western of South America by means of microsatellites and mtDNA genes. *Journal of Mammalogy* (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., CRIADO, A.J., PINEDO-CASTRO, M., CORRALES, C., CASTELLANOS, A. & SHOSTELL, J.M. 2017g. Hierarchical genetic structure of *Leopardus pardalis* (Felidae, Carnivora) in Latin America: molecular genetic diversity, geographical patterns and determination of subspecies with microsatellites and mitochondrial DNA markers. *Journal of Mammalogy* (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., PINEDO-CASTRO, M. & SHOSTELL, J.M. 2017h. Genetic diversity levels, spatial genetic patterns, demographic evolution and taxonomic implications for *Leopardus wiedii* (Felidae, Carnivora, Mammalia) throughout Latin America by means of mitogenomics. *Journal of Molecular Evolution* (submitted).
- 2017i. Mitogenomics of the jaguarundi (*Puma yaguarundi*): unclear correlation between morphological subspecies and molecular data. *Mammalian Biology*, (submitted).
- 2017j. Small spotted bodies with multiple specific mitochondrial DNAs: Existence of diverse and differentiated tigrina species or lineages (*Leopardus* sp., Felidae, Carnivora) throughout Latin America. *Mitochondrial DNA Part A*, doi: 10.1080/24701394.2017.1404041.
- 2017k. Morphological and genetics (nuclear and mitogenomics) evidences support a new small spotted cat species in southern Colombian Andes. *PLoS ONE*, (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., ORTEGA, J.M., RIVAS-SÁNCHEZ, D. & SHOSTELL, J.M. 2017l. Molecular phylogenetics of the foxes of the *Lycalopex* genus and the question of the hybridization in the Neotropical foxes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., ESCOBAR-ARMEL, P., THOISY, B., MARTÍNEZ-AGÜERO, M., PINEDO-CASTRO, M. & SHOSTELL, J.M. 2017ll. Biodiversity in the Amazon: origin hypotheses, intrinsic capacity of species colonization, and comparative phylogeography of river otters (*Lontra longicaudis* and *Pteronura brasiliensis*, Mustelidae, Carnivora) and pink river dolphin (*Inia sp*, Iniidae, Cetacea). *Journal of Mammalian Evolution*, 24: 1-28.

- RUIZ-GARCÍA, M., LICHILÍN, N., MEJIA, Y., ORTEGA, J.M. & SHOSTELL, J.M. 2017m. Mitochondrial population genetics inferences about the phylogeography and systematics of the tayra (*Eira barbara*, Mustelidae, Carnivora). In: URBANO, K.V. Ed. *Advances In Genetics Research, Volume 17*. Nova Science Publisher, New York: 66-103.
- RUIZ-GARCÍA, M., JARAMILLO, M.F. & SHOSTELL, J.M. 2017n. Molecular phylogeography of the kinkajou (*Potos flavus*, Procyonidae, Carnivora) by means of the mitochondrial *Cyt-b* and *NAD5* genes and comparisons with craneometrics. *Mammalian Biology*, (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., CHACÓN, D., PLESE, T. & SHOSTELL, J.M. 2017ñ. Molecular phylogenetics of *Bradypus* (three-toed sloth, Pilosa: Bradypodidae, Mammalia) and phylogeography of *Bradypus variegatus* (brown-throated three toed sloth) by means of the mitochondrial control region sequences and mitogenomics. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, (in press).
- RUIZ-GARCÍA, M., CHACÓN, D., PLESE, T., SCHULER, I. & SHOSTELL, J.M. 2017o. Mitogenomics phylogenetic relationships of the current sloth's genera and species (Bradypodidae and Megalonychidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 28: 1-18.
- SARKISSIAN, C.D., ERMINI, L., SCHUBERT, M., YANG, M.E., LIBRADO, P., FUMAGALLI, M., et al., 2015. Evolutionary Genomics and Conservation of the Endangered Przewalski's Horse. *Current Biology*, 25:2577-2583.
- SAVOLAINEN, P., ARVESTAD, L. & LUNDBERG, J. 2000. mtDNA tandem repeats in domestic dogs and wolves: mutation mechanism studied by analysis of the sequence of imperfect repeats. *Molecular Biology and Evolution*, 17: 474-488.
- SCHRAMM Y., MESNICK, S.L., DE LA ROSA, J., PALACIOS, D.M., LOWRY, M.S., AURIOLES-GAMBOA, D., SNELL, H.M. & ESCORZA-TREVIÑO, S. 2009. Phylogeography of California and Galapagos sea lions and population structure within the California sea lion. *Marine Biology*, 156: 1375-1387.
- SEEB, L.W., SEEB, J.E., KRUSE, G.H. & WECK, R.G. 1989. Genetic structure of red king crab populations in Alaskan facilitates enforcement of fishing regulations. pp. 491-502 in *Proceedings of the International Symposium on King and Tanner Crabs*, Anchorage, Alaska, USA. Alaska Sea Grant College Program, Fairbanks.
- SERNA, R. 2016. Filogeografía de ocho subespecies de *Odocoileus virginianus* (Zimmermann, 1780) del Pacífico mexicano. PhD Dissertation. Montecillos, Texcoco, Estado de México.
- SEYMOUR, A.M., MONTGOMERY, M.E., COSTELLO, B.H., IHLE, S., JOHNSON, G., ST JOHN, B., TAGGART, D. & HOULDEN, B.A. 2001. High effective inbreeding coefficients correlate with morphological abnormalities in populations of South Australian koalas (*Phascolarctos cinereus*). *Animal Conservation*, 4: 211-219.
- SOKAL, R.R. & ODEN, N.L. 1978a. Spatial autocorrelation in Biology. I. Methodology. *Biological Journal of Linnean Society*, 10: 199-228.
- 1978b. Spatial autocorrelation in Biology. 2. Some biological implications and four applications of evolutionary and ecological interest. *Biological Journal of Linnean Society*, 10: 229-249.
- SOULÉ, M.E., GILPIN, M., CONWAY, W. & FOOSE, T. 1986. The millennium ark: how long a voyage, how many staterooms, how many passengers? *Zoo Biology*, 5: 101-113.
- SOUSA, L.C.C., GONTIJO, C.M.F., BOTELHO, H.A. & FONSECA, C.G. 2012a. Mitochondrial genetic variability of *Didelphis albiventris* (Didelphimorphia, Didelphidae) in Brazilian localities *Genetics and Molecular Biology*, 35: 522-529.
- SOUSA, L.C.C., GONTIJO, C.M.F., LACORTE, G.A., MEIRELES, S.N., SILVA, A.P. & FONSECA, C.G. 2012b. Molecular characterization of an opossum *Didelphis albiventris* (Marsupialia, Didelphidae) population in an urban fragment of Brazilian Atlantic Rain Forest and support to species barcode identification. *Genetics and Molecular Research*, 11: 2487-2496.
- SPONG, G.L., HELLBOG, L. & CREEL, S. 2000. Sex ratio of leopards taken in trophy hunting: genetic data from Tanzania. *Conservation Genetics*, 1: 169-171.
- STEPPAN, S.J., STORZ, B.L. & HOFFMANN, R.S. 2004. Nuclear DNA phylogeny of the squirrels (Mammalia: Rodentia) and the Evolution of arboreality from *c-myc* and *rag1*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 30: 703-719.
- STREIFF, R., LABBE, T., BACILIERI, R., STEINKELLNER, H., GLOSSL, J. & KREMER A. 1998. Within-population genetic structure in *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. assessed with isozymes and microsatellites. *Molecular Ecology*, 7: 317-328.
- TCHAICKA, L., EIZIRIK, E., DE OLIVEIRA, T.G., CANDIDO, J.F. JR. & FREITAS, T.R. 2007. Phylgeography and population history of the crab-eating fox. *Molecular Ecology*, 16: 819-838.
- TCHAICKA, L., FREITAS, T.R., BAGER, A., LUENGOS-VIDAL, S., LUCHERINI, M., IRIARTE, M., NOVARO, A., GEFFEN, E., GARCEZ, F.S., JOHNSON, W.E., WAYNE, R.K. & EIZIRIK, E. 2016. Molecular assessment of the phylogeny and biogeography of a recently diversified endemic group of South American canids (Mammalia: Carnivora: Canidae). *Genetics and Molecular Biology*, 39: 442-451.
- TEMPLETON, A.R. 1998. Species and speciation - geography, population structure, ecology, and gene trees. In: HOWARD, D.J. & BERLOCHER, S.H. Eds. *Endless Forms*. Oxford University Press, New York: 32-43.
- THOISY, B., GONCALVES DA SILVA, A., RUIZ-GARCÍA, M., TAPIA, A., RAMÍREZ, O., ARANA, A., QUSE, V., PAZ-Y-MIÑO, C., TOBLER, M., PEDRAZA, C. & LAVERGNE, A. 2010. Population history, phylogeography, and conservation genetics of the last Neotropical mega-herbivore, the Lowland tapir (*Tapirus terrestris*). *BMC Evolutionary Biology*, 10: 278-295.
- THOISY, B., RUIZ-GARCÍA, M., CASTELLANOS-MORA, L.F. & LAVERGNE, A. 2013. How are Amazon and Orinoco rivers related? Preliminary results on the comparative history, structure and dy-



- namics of Giant otters, *Pteronura brasiliensis*, from Western Amazonia. In: RUIZ-GARCÍA, M. & SHOSTELL, J. Eds. *Molecular Population Genetics, Evolutionary Biology and Biological Conservation of Neotropical Carnivores*. Nova Science Publishers Inc., New York: 85-96.
- TOKARSKA, M., PERTOLDI, C., KOWALCZYK, R. & PERZANOWSKI, K. 2011. Genetic status of the European Bison *Bison bonasus* after extinction in the wild and subsequent recovery. *Mammal Review*, 41: 151-162.
- TRIGO, T.C., FREITAS, T.R.O., KUNZLER, G., CARDOSO, L., SILVA, J.C.R., JOHNSON, W.E., O'BRIEN, S.J., BONATTO, S.L. & EIZIRIK, E. 2008. Inter-species hybridization among Neotropical cats of the genus *Leopardus*, and evidence for an introgressive hybrid zone between *L. geoffroyi* and *L. tigrinus* in southern Brazil. *Molecular Ecology*, 17: 4317-4333.
- TRIGO, T.C., SCHNEIDER, A., OLIVEIRA, T.G., LEHUGEUR, L.M., SILVEIRA, L., et al. 2013. Molecular data reveal complex hybridization and a cryptic species of Neotropical wild cat. *Current Biology*, 23: 2528-2533.
- TRIGO, T.C., TIRELLI, F.P., DE FREITAS, T.R.O. & EIZIRIK, E. 2014. Comparative Assessment of Genetic and Morphological Variation at an Extensive Hybrid Zone between Two Wild Cats in Southern Brazil. *PLoS ONE*, 9: e108469.
- TRINCA, C.S., DE THOISY, B., ROSAS, F.C.W., WALDERMAN, H.F., KOEPLI, K.P., VIANNA, J.A. & EIZIRIK, E. 2012. Phylogeography and demographic history of the Neotropical otter (*Lontra longicaudis*). *Journal of Heredity*, 103: 479-492.
- TÚNEZ, J.I., CENTRÓN, D., CAPPOZZO, H.L. & CASSINI, M.H. 2007. Geographic distribution and diversity of mitochondrial DNA haplotypes in South American sea lions (*Otaria flavescens*) and fur seals (*Arctocephalus australis*). *Mammalian Biology*, 72: 193-203.
- UPTON, G. & FINGLETON, B. 1985. *Spatial data analysis by example. Vol 1: point pattern and quantitative data*. Chichester: Wiley.
- VALDEZ, F.P., HAAG, T., AZEVEDO, F.C.C., SILVEIRA, L., CAVALCANTI, S.M.C., SALZANO, F.M. & EIZIRIK, E. 2015. Population genetics of jaguars (*Panthera onca*) in the Brazilian Pantanal: Molecular evidence for demographic connectivity on a regional scale. *Journal of Heredity*, 106 (S1): 503-511.
- VENDRAMIN, G.G., DEGEN, B., PETIT, R.J., ANZIDEI, M., MADAGHIELE, A. & ZIEGENHAGEN, B. 1999. High level of variation at *Abies alba* chloroplast microsatellite loci in Europe. *Molecular Ecology*, 8: 1117-1126.
- VILA, C., LEONARD, J., IRIARTE, A., O'BRIEN, S.J., JOHNSON, W.E. & WAYNE, R. 2004. Detecting the vanishing populations of the highly endangered Darwin's fox, *Pseudalopex fulvipes*. *Animal Conservation*, 7: 147-153.
- VILA, C., SUNDQVIST, A.-K., FLAGSTAD, Ø., SEDDON, J., BJÖRNERFELDT, S., KOJOLA, I., CASULLI, A., SAND, H., WABAKKEN, P. & ELLEGREN, H. 2003. Rescue of a severely bottlenecked wolf (*Canis lupus*) population by a single immigrant. *Proceedings of the Royal Society of London Series B*, 270: 91-97.
- VILELA, R.V., et al. 2009. The taxonomic status of the endangered thin-spined porcupine, *Chaetomys subspinosus* (Olfers, 1818), based on molecular and karyologic data. *BMC Evolutionary Biology*, 9: 29.
- VILLALOBOS, F. & GUTIÉRREZ-ESPELETA, G. 2014. Mesoamerican tree squirrels evolution (Rodentia: Sciuridae): a molecular phylogenetic analysis. *Revista de Biología Tropical (International Journal of Tropical Biology)*, 62: 649-657.
- VON HOLDT, B.M., CAHILL, J.A., Fan, Z., Gronau, I., Robinson, J., Pollinger, J.P., Shapiro, B., Wall, J. & WAYNE, R.K. 2016. Whole-genome sequence analysis shows that two endemic species of North American Wolf are admixtures of the coyote and gray wolf. *Science Advances*, 2: e1501714.
- VOSS, R.S. 2011. Revisionary notes on Neotropical porcupines (Rodentia: Erethizontidae). 3. An annotated checklist of the species of *Coendou* Lacepede, 1799. *American Museum Novitates*, 3720: 1-36.
- VOSS, R.S., HUBB, C. & JANSÁ, S.A. 2013. Phylogenetic relationships of New World Porcupines (Rodentia, Erethizontidae): Implications for taxonomy, morphological evolution, and biogeography. *American Museum Novitates*, 3769: 1-36.
- WALLACE, R.B. & PAINTER, R.L.E. 1999. A new primate record for Bolivia: an apparently isolated population of common woolly monkeys representing a southern range extension for the genus *Lagothrix*. *Neotropical Primates*, 7: 111-112.
- WAPLES, R.S. 1991. Pacific salmon, *Oncorhynchus* spp., and the definition of "species" under the Endangered Species Act. *Marine Fisheries Review*, 53: 11-22.
- WARTENBERG, D.W. 1989. SAAP: a spatial autocorrelation analysis program. Exeter Software, Setauket, New York.
- WATSON, A. 2000. New tools. A new breed of high-tech detectives. *Science*, 289: 850-854.
- WATSON, D.F. 1992. *Contouring: a guide to the analysis and display of spatial data*. Pergamon Press, New York.
- WAYNE, R.K. & JENKS, S.M. 1991. Mitochondrial DNA analysis implying extensive hybridization of the endangered red wolf *Canis rufus*. *Nature*, 351: 565-568.
- WHEELER, J.C. 1995. Evolution and present situation of the South American Camelidae. *Biological Journal of Linnean Society*, 54: 271-295.
- WHEELER, J.C., FERNÁNDEZ, M., ROSADIO, R., HOCES, D., KADWELL, M. & BRUDFORD, M.W. 2001. Diversidad genética y manejo de poblaciones de vicuñas en el Perú. *RIVEP*, 1: 170-183.
- WILSON, D.E. & REEDER, D.A.M. 2005. *Mammal Species of the World. A Taxonomic and Geographic Reference*, (3rd ed). New York: Johns Hopkins University Press.

- WISELY, S.M., MCDONALD, D.B. & BUSKIRK, S.W. 2003. Evaluation of the Genetic Management of the Endangered Black-Footed Ferret (*Mustela nigripes*). *Zoo Biology*, 22: 287-298.
- WOLF, J.B.W., TAUTZ, D. & TRILLMICH, F. 2007. Galapagos and Californian sea lions are separate species: genetic analysis of the genus *Zalophus* and its implications for conservation management. *Frontiers in Zoology*, 4: 20.
- WOLF, J.B.W., HARROD, C., BRUNNER, S., SALAZAR, S., TRILLMICH, F. & TAUTZ, D. 2008. Ecological, morphological and genetic divergence of Galapagos sea lion populations as a model for tracing early stages of species differentiation. *BMC Evolutionary Biology*, 8: 150.
- WOODS, C.A. & KILPATRICK, C.W. 2005. Infraorder Hystricognathi Brandt, 1855. In: WILSON, D.E. & REEDER, D.M. Eds. *Mammal species of the world, Volume 2*, 3rd ed., Johns Hopkins University Press, New York: 1538-1600.
- WULTSCH, C., WAITS, L.P. & KELLY, M.J. 2016. A comparative analysis of genetic diversity and structure in jaguars (*Panthera onca*), pumas (*Puma concolor*), and ocelots (*Leopardus pardalis*) in fragmented landscapes of a critical Mesoamerican linkage zone. *PLoS ONE*, 11: e0151043.
- YAHNKE, C.J., JOHNSON, W.E., GEFFEN, E., SMITH, D., HERTEL, F., ROY, M.S., BONACIC, C.F., FULLER, T.K., VAN VALKENBURGH, B. & WAYNE, R.K. 1999. Darwin's fox: a distinct endangered species in a vanishing habitat. *Conservation Biology*, 10: 366-375.
- YOUNG, S.P. & GOLDMAN, E.A. 1946. *The puma: mysterious American cat*. Seattle: American Wildlife Institute.
- YWASAKI LIMA, J., MACHADO, F.B., FARRO, A.P.C., BARBOSA, L.A., DA SILVEIRA, L.S. & MEDINA-ACOSTA, E. 2017. Population genetic structure of Guiana dolphin (*Sotalia guianensis*) from the southwestern Atlantic coast of Brazil. *PLoS ONE*, 12: e0183645.
- ZACHOS, F.E. 2016. Tree thinking and species delimitation: Guidelines for taxonomy and phylogenetic terminology. *Mammalian Biology*, 81: 185-188.
- ZACHOS, F.E., APOLLONIO, M., BARMANN, E.V., FESTA-BIANCHET, M., GOHLICH, U., et al. 2013. Species inflation and taxonomic artefacts—A critical comment on recent trends in mammalian classification. *Mammalian Biology*, 78: 1-6.
- ZENG, Y., ZHIGANG, A., JIANG, A. & LI, C. 2007. Genetic variability in relocated Pere David's deer (*Elaphurus davidianus*) populations—Implications to reintroduction program. *Conservation Genetics*, 8: 1051-1059.
- ZENG, Y., LI, C., ZHANG, L., ZHONG, Z., JIANG, Z. 2013. No correlation between neonatal fitness and heterozygosity in a reintroduced population of Père David's deer. *Current Zoology*, 59: 249-256.
- ZSCHOKKE, S. & BAUR, B. 2002. Inbreeding, outbreeding, infant growth and size dimorphism in captive Indian rhinoceros (*Rhinoceros unicornis*). *Canadian Journal of Zoology*, 80: 2014-2023.