

ARTÍCULOS

Baja Variabilidad Genética en Poblaciones de *Vultur gryphus* con Amplia Distribución Geográfica

SHER L. HENDRICKSON^{1,5}, ROBERT BLEIWEISS¹, JUAN CARLOS MATHEUS², LILLY SILVA DE MATHEUS², NORBERTO LUIS JÁCOME³ AND EDUARDO PAVEZ⁴

¹*Department of Zoology, University of Wisconsin, 430 Lincoln Drive, Madison, WI 53706*

²*Fundación para el Estudio e Investigación de los Colibríes Ecuatorianos (F.E.I.C.E.), P.O. Box 17-17742, Quito, Ecuador*

³*Zoo de Buenos Aires, Rep. de la India 3000, (1425) Cap. Fed., Buenos Aires, Argentina*

⁴*Unión de Ornitólogos de Chile, Casilla 13183, Santiago-21, Chile*

Manuscript received 13 November 2001; accepted 16 July 2002.

⁵E-mail: sher.hendrickson@earthlink.net

Resumen. Caracterizamos la variación de la secuencia de ADN en la región de control mitocondrial y la subunidad ribosomal 12S en una muestra de *Vultur gryphus* representativa de poblaciones distribuidas a lo largo del extenso rango geográfico de la especie (Colombia, hasta el centro de Argentina y Chile). Los dominios II y III de la región de control, junto con parte del gen 12S, fueron secuenciados en 38 individuos (956 pares de base en 30 individuos y 430–824 pares de base para una muestra adicional de 8 especímenes de museo), y el dominio I fue secuenciado en 5 de estas aves (400 pares de base). Identificamos un total de cinco haplotipos basados en cuatro sitios variables en los dominios II y III de la región de control y el gen 12S. Un sitio variable adicional fue identificado en el dominio I. Todos los cambios fueron transiciones y entre dos individuos cualesquiera no variaron más de 3 sitios. La variación en la región de control de los cóndores fue más baja que para la mayoría de las aves analizadas para estos mismos loci. Aunque la baja variabilidad genética es a menudo asociada con megafauna en peligro de extinción, el ejemplo del cóndor es notable porque la especie aún mantiene un rango geográfico substancial. Así, la baja variabilidad genética se puede dar incluso en la megafauna cuya dispersión no haya sido sujeta a severas reducciones en los últimos siglos. Por lo tanto, nuestros resultados sugieren que los datos genéticos de rapaces con amplia distribución geográfica y de otra megafauna proveen de importante información de base para evaluar la relación existente entre la variabilidad genética y sus causas en otra megafauna en peligro.