



Universidad de Concepción  
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas



Evaluación de la historia biogeográfica del género *Oligoryzomys*  
(Rododentia: Sigmodontinae) en Sudamérica mediante una aproximación  
Bayesiana



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

Oscar Esteban Inostroza Michael

Concepción, Diciembre 2010

## RESUMEN

En la actualidad existe debate acerca de los procesos evolutivos y biogeográficos (i.e. origen, procesos de dispersión y posterior radiación) que han estructurado los patrones actuales de distribución y biodiversidad de los Sigmodontinos en Sudamérica. Dado a lo fragmentado del registro fósil de este taxón, estudios filogenéticos se convierten en una herramienta invaluable que nos arroja pistas para tratar de reconstruir la historia biogeográfica de los Sigmodontinae. A pesar del debate existente sobre el origen y diversificación de los Sigmodontinos, la mayoría de los autores está de acuerdo en que la evolución posterior de esta subfamilia fue llevada a cabo en la zona norte de la cordillera de los Andes y en que la tribu Orizomyini es basal respecto a otras tribus dentro de la subfamilia. Dado que la tribu Orizomyini representa el origen de los Sigmodontinae, el estudio de esta tribu o de géneros pertenecientes a esta, contribuye al entendimiento de los procesos evolutivos que han conformado los patrones actuales de distribución y biodiversidad de Sigmodontinae en Sudamérica.

En este estudio se aplicó una aproximación Bayesiana con MCMC para evaluar el origen biogeográfico y patrones de distribución de los Sigmodontinae en Sudamérica, usando el taxón *Oligoryzomys* como modelo de estudio. Para llevar a cabo nuestro estudio, se evaluó la incerteza filogenética del género *Oligoryzomys*, utilizando secuencias del gen mitocondrial citocromo b, obtenidos desde GenBank. Luego evaluamos la evolución del carácter “rango geográfico de distribución” utilizando el Método Comparativo Filogenético moderno sobre las filogenias obtenidas mediante la aproximación Bayesiana con MCMC. En base a estos análisis, y basándonos en la información de la historia biogeográfica de taxón disponible en la literatura, se evaluaron las siguientes hipótesis: 1) El antecesor del género *Oligoryzomys* tuvo una amplia distribución en la

zona norte de Sudamérica (zona norte de los Andes y Amazonas occidental) y desde estas zonas comenzaron a colonizar latitudes más altas y 2) Dado que el principal área de origen y diversificación de los Sigmodontinae en Sudamérica es la Cordillera de los Andes, se espera que el antecesor del género *Oligoryzomys* se encuentre distribuido a gran altitud (biomas de páramo o puna), y desde esta altura comenzaron a colonizar zonas más bajas de la Cordillera de los Andes.

Nuestros resultados localizan el área ancestral de distribución del género *Oligoryzomys* entre los 13° S y los 29° S, y entre los 69° O y los 48° O. Además nuestros resultados indican que la altura más probable para el origen de este taxón es la zona restringida entre los 0 y los 2336 m de altura. Por lo que, nuestros resultados no sustentan nuestras hipótesis de trabajo, ni las hipótesis planteadas para el origen del grupo que son actualmente aceptadas por la comunidad científica, poniendo de manifiesto la necesidad de reevaluar hipótesis clásicamente aceptadas para este y otros taxa.

