

Ecós del pasado, presiones del presente: patrones genéticos e historia demográfica de *Chinchilla chinchilla* en la Región de Atacama

RESUMEN

En el contexto de la actual crisis de biodiversidad, la integración de información genética resulta fundamental para comprender la estructura poblacional y orientar estrategias efectivas de conservación de especies amenazadas. La chinchilla de cola corta (*Chinchilla chinchilla*) fue objeto de una intensa explotación histórica y actualmente enfrenta múltiples amenazas; sin embargo, el conocimiento sobre su estructura genética e historia demográfica sigue siendo limitado. En este estudio analizamos la variación genética de colonias de *C. chinchilla* distribuidas en la Región de Atacama (Chile), utilizando polimorfismos de nucleótido único (SNPs) y microsatélites. Evaluamos patrones de diversidad genética, estructura poblacional y conectividad, así como la historia demográfica de las poblaciones. Los niveles de diversidad genética fueron relativamente homogéneos entre colonias y los coeficientes de endogamia resultaron bajos en la mayoría de ellas. Los análisis de diferenciación genética revelaron valores significativos en la mayoría de las comparaciones pareadas; no obstante, no se detectó un patrón de aislamiento por distancia, lo que sugiere que la estructura genética actual no está determinada principalmente por la proximidad geográfica. Las inferencias demográficas indicaron un declive sostenido del tamaño efectivo poblacional desde el Último Máximo Glacial, con una disminución particularmente pronunciada durante el último siglo. Estos resultados sugieren que la historia poblacional de *C. chinchilla* ha estado modulada por procesos ambientales de largo plazo, como las oscilaciones climáticas del Pleistoceno, y posteriormente intensificada por presiones antrópicas recientes. En conjunto, nuestros hallazgos respaldan la existencia de un sistema de metapoblación compuesto por colonias genéticamente diferenciadas y conectividad restringida, y proporcionan información clave para el diseño de estrategias de conservación que consideren tanto la vulnerabilidad asociada a tamaños efectivos reducidos como la necesidad de preservar unidades genéticamente singulares.

Enviado a publicación a: Journal Scientific Reports (Open access; impact factor 3.9; Q1 multidisciplinary sciences; según la editorial es el 3er journal más citado en el mundo).