

## Resumen

Los géneros de primates *Ateles* y *Leontocebus* se han establecido como mamíferos de relevancia por el rol ecológico que cumplen y por la problemática que presentan en temas de conservación. La filogeografía forma parte del concepto de “Genética de la conservación”, donde los estudios filogeográficos son herramientas fundamentales en trabajos de biodiversidad y conservación. El presente trabajo se llevó a cabo con el fin de optimizar las herramientas moleculares para inferir la filogeografía de los individuos del género de primate *Ateles* mediante los marcadores CytB y D-Loop, y del género *Leontocebus* con el marcador D-Loop. Para ello se obtuvieron muestras de ADN de primates no humanos a partir de muestras no invasivas, las mismas que se emplearon para establecer el protocolo de PCR Barcoding con los marcadores CytB y D-Loop, y finalmente inferir la regionalidad de los individuos de los géneros *Ateles* y *Leontocebus* con las secuencias disponibles de los genes CytB y D-Loop. Se estableció el protocolo de PCR Barcoding con el marcador CytB con una concentración de ADN de 10 ng/μl, 62°C de temperatura de hibridación, Cl<sub>2</sub>Mg a 2.0 mM, Taq a 0.5 U/μL, primers en 0.25 μM y tiempos de desnaturalización e hibridación de 60 y 30 segundos respectivamente. En cuanto al marcador D-Loop, se estableció un tiempo de extensión de 45 segundos y una concentración de ADN de 12.5 ng/μl. Mediante el uso de los marcadores CytB y D-Loop, fue posible agrupar las especies de primates pertenecientes a los géneros *Ateles* y *Leontocebus* en relación a la zona de procedencia del individuo. No fue posible determinar el lugar de origen de las muestras analizadas a falta de datos propios del país. Una suficiente cantidad de información relacionada con las especies podría hacer posible la inferencia del lugar de origen de los individuos a partir de datos moleculares.

*Palabras clave:* primates, Barcoding, filogeografía, conservación

## Abstract

The primate genera *Ateles* and *Leontocebus* are ecologically significant mammals with important conservation challenges. Phylogeography is an essential tool in biodiversity and conservation efforts, and is a component of the "Genetics of Conservation" concept. This study aimed to optimize molecular tools for inferring the phylogeography of *Ateles* individuals using CytB and D-Loop markers, and *Leontocebus* genus using the D-Loop marker. Non-human primate DNA samples were collected from non-invasive sources, to establish the PCR Barcoding protocol using CytB and D-Loop markers. Finally, the regional distribution of *Ateles* and *Leontocebus* individuals was inferred using the obtained sequences and the available sequences of CytB and D-Loop genes in databases. The PCR Barcoding protocol was established with the CytB marker with a DNA concentration of 10 ng/μl, a hybridization temperature of 62°C, Cl<sub>2</sub>Mg at 2.0 mM, Taq at 0.5 U/μL, and primers at 0.25 μM, and denaturation and hybridization times of 60 and 30 seconds, respectively. For the D-Loop marker, an extension time of 45 seconds and a DNA concentration of 12.5 ng/μl were established. The primate species belonging to the *Ateles* and *Leontocebus* genera were grouped based on the individual's region of origin, using the CytB and D-Loop markers. It was not possible to determine the place of origin of the analyzed samples due to the lack of country-specific data. Inferring the place of origin of individual from molecular data would require a sufficient amount of species-related information.

*Keywords:* primates, Barcoding, phylogeography, conservation