



NOTAS SOBRE
MAMÍFEROS
SUDAMERICANOS

●



NOTAS SOBRE MAMÍFEROS SUDAMERICANOS



Primer registro del cuis andino, *Microcavia shiptoni*, en la provincia de Jujuy: ampliación de su rango geográfico y altitudinal

Ezequiel A. Ibañez (1,2*), Sofía Ocaranza Di Battista (3), Julián Hernández (4), Andrés Tálamo (3), Lyn C. Branch (5), Juan I. Túnez (1,2) y Alejandro G. Pietrek (3)

(1) Grupo de Investigación en Ecología Molecular (GIEM), Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-CONICET-UNLu), Luján, Argentina. (2) Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján (UNLu), Luján, Argentina. (3) Instituto de Bio y Geociencias del NOA (CONICET, UNSa), Salta, Argentina. (4) Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta (UNSa), Salta, Argentina. (5) Department of Wildlife Ecology and Conservation, University of Florida, Florida, EEUU. [*correspondencia: eibanez@mail.unlu.edu.ar]

Citación: IBAÑEZ, E. A., S. OCARANZA DI BATTISTA, J. HERNÁNDEZ, A. TÁLAMO, L. C. BRANCH, J. I. TÚNEZ, & A. G. PIETREK. 2025. Primer registro del cuis andino, *Microcavia shiptoni*, en la provincia de Jujuy: ampliación de su rango geográfico y altitudinal. Notas sobre Mamíferos Sudamericanos 7:e25.1170.

RESUMEN

El cuis andino, *Microcavia shiptoni* (Thomas, 1925), es un roedor caviomorfo endémico de Argentina, donde es conocido en cuatro localidades y es considerado cercano a la amenaza a nivel nacional. Presentamos un nuevo registro de la especie en las laderas del Volcán Tuzgle, en la provincia de Jujuy, basado en el análisis genético de heces. Este registro es el primero para dicha provincia y extiende su rango de ocurrencia latitudinal y altitudinal.

Palabras Clave: Altos Andes, cuis andino, Jujuy

ABSTRACT - First record of Shipton's mountain cavy, *Microcavia shiptoni*, in Jujuy Province: expansion of its geographic and altitudinal range

Shipton's mountain cavy, *Microcavia shiptoni* (Thomas, 1925), is a caviomorph rodent endemic to Argentina, where it is known from a few locations and is considered near-threatened at the national level. We report a new record of the species for the slopes of the Tuzgle Volcano in the province of Jujuy, based on genetic analysis of feces. This record is the first for Jujuy province and extends its latitudinal and altitudinal range.

Keywords: High Andes, Jujuy, Shipton's mountain cavy

El cuis andino, *Microcavia shiptoni* (Thomas, 1925), es una de las seis especies pertenecientes al género *Microcavia*. Este género se distribuye desde el sur de Perú, norte de Chile y oeste de Bolivia hasta el sur de Argentina y Chile (Dunnum 2015; Teta et al. 2017, 2021, 2022b). *Microcavia shiptoni*, especie endémica de Argentina, actualmente se encuentra categorizada como "Casi Amenazada" producto de su distribución restringida y de la degradación de su hábitat como consecuencia del sobrepastoreo de cabras,

Recibido el 11 de noviembre de 2024. Aceptado el 10 de abril de 2025. Editora asociada Anahí Formoso.



llamas y vacas, con probables extinciones a nivel local (Ojeda & Tarquino-Carbonell 2019). En Argentina la especie es conocida para un área de menos de 20 km² cerca de San Antonio de los Cobres en Salta (latitud -24,22556; longitud -66,31917) (Quintana 1996; Sandoval 2012; Dunnum 2015) y de la localidad de Laguna Blanca (latitud -26,5; longitud -66,86667), en la provincia de Catamarca, de donde procede el ejemplar tipo (Thomas 1925; Teta et al. 2022a, b). La evidencia hasta el momento sugiere que este cuis está asociado a roquedales de origen volcánico y estepas de altura (herbáceas y arbustivas) entre los 3.000 y 4.000 m s. n. m. (Dunnum 2015; Teta et al. 2022a). Por los ambientes que ocupa y por su distribución local y restringida, es considerado uno de los mamíferos sudamericanos menos conocidos (Teta et al. 2022b).

En diciembre de 2023, como parte de un proyecto que intenta relocalizar poblaciones de la chinchilla de cola corta, *Chinchilla chinchilla* (Lichtenstein, 1829), en el noroeste argentino, visitamos el área circundante al Volcán Tuzgle en la provincia de Jujuy (Fig. 1) con el objetivo de recolectar y recuperar el ADN presente en las heces de los roedores que habitan en los promontorios rocosos de las laderas del Tuzgle. Este estratovolcán de aspecto cónico ha sido el escenario de numerosas y explosivas erupciones en el pasado que hoy en día pueden observarse a simple vista como coladas de lava andesítica en color negro, registro de su actividad en tiempos pasados (Rosas & Coira 2008). Debido a las condiciones de extrema aridez (<100 mm/año) y elevada altitud, el área se ubica fitogeográficamente dentro de la provincia Altoandina (Oyarzabal et al. 2018). La vegetación dominante en las laderas del volcán es una estepa gramínea representada principalmente por los géneros *Festuca*, *Pappostipa* y *Deyeuxia* que se asocian a arbustales dispersos conformados por tolas del género *Parastrephia* y matorrales de *Adesmia* sp. (Fabbroni 2015; Carilla et al. 2018).

Durante la campaña de muestreo, seis personas recorrimos transectas paralelas a roquedales previamente identificados y delimitados (distancia mínima de 100 metros entre roquedales), usando Google Earth (Google n.d.), en búsqueda de letrinas conspicuas (también conocidos como defecaderos) características de las colonias de chinchillas (Spotorno & Patton 2015). Estas letrinas suelen distinguirse a simple vista en el campo debido a las grandes cantidades de heces acumuladas a escasa distancia de las grietas presentes en los promontorios rocosos (Spotorno & Patton 2015). Para los roquedales que se presentaban como bloques continuos, las transectas recorridas tenían una distancia longitudinal (paralela al borde del roquedal) de 500 metros máximo, de acuerdo con el largo del roquedal. Si el roquedal medía menos de 200 m se recorría en su totalidad. A medida que se recorría el roquedal las letrinas muestreadas debían presentar al menos 50 metros entre sí. Los roquedales recorridos se ubican sobre una ladera de pendiente poco pronunciada con exposición suroeste a 4.520 m s. n. m. En cada letrina recolectamos heces de roedores para realizar los análisis genéticos que permitieran corroborar la identidad de la especie. A su vez, instalamos cámaras trampa configuradas para registrar observaciones a modo de fotografías y grabaciones de los roedores que usaban las letrinas, estos resultados no se muestran en la presente nota debido a que aún están siendo procesados.

Extrajimos el ADN presente en las muestras de heces utilizando el kit comercial Quick-DNA Fecal/Soil Microbe Miniprep (Zymo Research). Posteriormente, utilizamos



las alícuotas del ADN total para amplificar mediante PCR un fragmento de 250 pb del gen mitocondrial citocromo b utilizando los cebadores L14724: 5'-CGAAGCTTGATAT-GAAAACCATCGTTG-3' (Anderson et al. 1981) y RCcytb: 5'- CGGATTAGCCAGCCGTAGTT -3', desarrollado a partir de la secuencia de *C. chinchilla*, AF464759 (Spotorno et al. 2004). Cada reacción de PCR la llevamos a cabo con un volumen final de 20 µL. La mezcla de reacción estuvo compuesta por 4 µL de buffer GoTaq 5 X, 0,6 µL de MgCl₂ 50 mM, 0,5 µL de dNTPs 10 mM, 1 µL de cada cebador 10 µM, 0,1 µL de GoTaq G2 DNA Polimerasa (Promega) 5 U/µL, 4 µL de ADN y agua hasta alcanzar el volumen final. El protocolo de amplificación consistió en un solo paso de desnaturalización a 95 °C por 10 minutos, seguido de 40 ciclos de desnaturalización a 95 °C por 30 segundos, hibridación a 54 °C por 30 segundos, extensión a 72 °C por 45 segundos, y una extensión final a 72 °C por 10 minutos. Los productos de PCR se resolvieron en electroforesis en gel de agarosa al 1 % y los visualizamos bajo luz ultravioleta. Luego, purificamos 15 µL de cada producto de PCR mediante el método enzimático EXO/SAP (Werle et al. 1994), que fueron enviados al Servicio de Secuenciación de MacroGen Inc., Corea del Sur, para su secuenciación directa en ambas direcciones, utilizando los mismos cebadores de la PCR.

A partir de las muestras recolectadas, obtuvimos cinco secuencias de buena calidad que fueron editadas manualmente y alineadas utilizando el programa MEGA 11 (Tamura et al. 2021) y comparadas mediante la herramienta online BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) con las secuencias de mamíferos que se encuentran depositadas en el GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). Una de estas secuencias, perteneciente a la muestra Tuzgle Sur 2 (latitud -24,1808; longitud -66,5036), presentó un 98,2% de identidad con *Microcavia shiptoni*, confirmando así la presencia de esta especie en el área estudiada. Las otras 4 secuencias presentaron un 98% de identidad con la vizcacha montañera *Lagidium viscacia* (Molina, 1782). Por último, se construyó un árbol filogenético de máxima credibilidad del clado (Fig. 2) utilizando el programa BEAST 2 (Bouckaert et al. 2014) que emplea un enfoque bayesiano. Los análisis se realizaron utilizando simulaciones de MCMC por 10.000.000 de generaciones (1.000.000 de burn-in), muestreadas cada 1.000 generaciones. Para la construcción del árbol se utilizaron las cinco secuencias identificadas en este trabajo y se agregaron secuencias del gen citocromo b que se encuentran en la base de datos del GenBank para las siguientes especies: cuis andino (*Microcavia shiptoni*, Accession Number: ON584217.1; ON584218.1; ON584219.1), cuis andino norteño (*Microcavia niata* (Thomas, 1898), AY382789.1; GU067490.1), cuis chico mayor (*Microcavia maenas* (Thomas, 1898), ON584228.1), cuis común (*Cavia aperea* (Erxleben, 1777), GU136750.1; GU136742.1), vizcacha norteña (*Lagidium peruanum* Meyen, 1809, EU0275767.1) y una secuencia de coipo (*Myocastor coypus* (Molina, 1782), LC606016.1) como outgroup.

A pesar de que la especie ya ha sido encontrada a 16 km de distancia de este reciente registro, este estudio no solo confirma su presencia en una provincia donde su existencia era incierta, sino que, además, extiende su rango altitudinal por encima de los 4.500 m s. n. m. Nuestro estudio realza la importancia del uso de herramientas moleculares para el muestreo no invasivo de roedores a través de heces, sobre todo en especies que suelen ser submuestreadas usando otros métodos directos (observación, captura viva,



por ejemplo). Sugerimos continuar los relevamientos en los promontorios rocosos de la ecorregión de los Altos Andes para identificar poblaciones remanentes de este cuis endémico, que ocupa hábitats naturalmente fragmentados y es por ello, susceptible a sufrir extinciones locales en un contexto de fuerte avance minero (Duárez Mendoza 2017). Investigaciones futuras sobre la distribución y abundancia de esta especie serán fundamentales para diseñar planes de conservación, establecer unidades de conservación y aplicar medidas que favorezcan la conectividad entre las poblaciones nativas de esta especie, que habita en uno de los últimos refugios más prístinos de naturaleza en Argentina.

DISPONIBILIDAD DE DATOS

Los datos se encuentran bajo el número de acceso PP952259.1 en la página web del NCBI, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PP952259.1/>

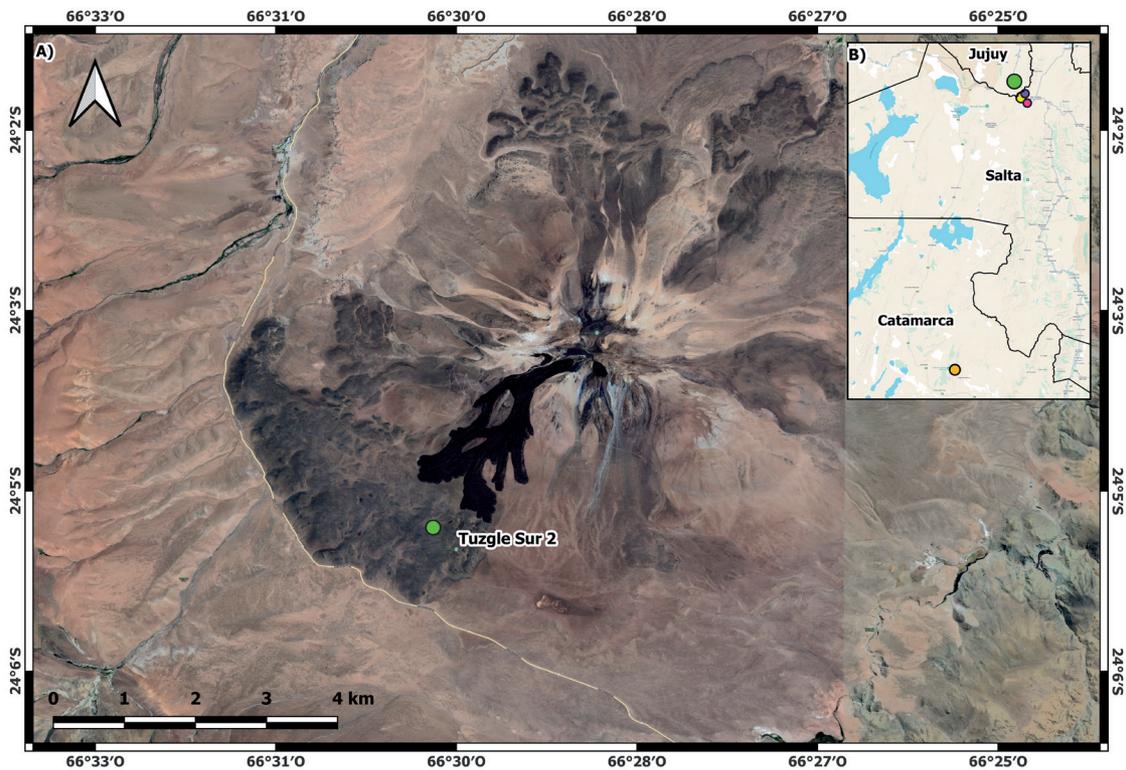


Figura 1. A) Ubicación geográfica del nuevo sitio de registro (punto verde) en el Volcán Tuzgle, Jujuy, República Argentina. En el mapa de referencia (B) se observa la distribución de los sitios donde fue confirmada la presencia de *Microcavia shiptoni*, Laguna Blanca, Catamarca, (punto naranja; Thomas 1925), Chorrillos, Salta, (punto amarillo; Quintana 1996), MACN-Ma: 28155, 28156 y 30715 (punto violeta), cercanías a San Antonio de los Cobres (punto rosa; Sandoval 2012). Las líneas continuas negras corresponden a los límites provinciales. Las coberturas del terreno fueron extraídas a partir de imágenes provenientes de Google Earth datadas en noviembre de 2023. **Figure 1.** A) Geographic location of the new record site (green dot) at Volcán Tuzgle, Jujuy, Argentina. The reference map (B) shows the distribution of sites where the presence of *Microcavia shiptoni* has been confirmed: Laguna Blanca, Catamarca (orange dot; Thomas 1925), Chorrillos, Salta (yellow dot; Quintana 1996), MACN-Ma: 28155, 28156, and 30715 (purple dot), and the vicinity of San Antonio de los Cobres (pink dot; Sandoval 2012). Solid black lines indicate provincial boundaries. Land cover data were obtained from Google Earth imagery dated November 2023.

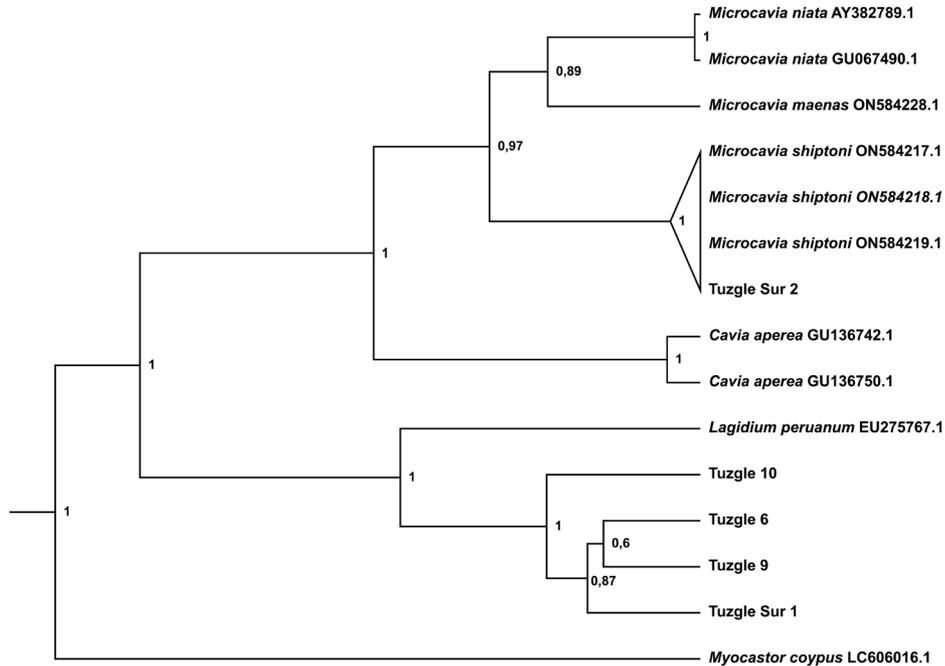


Figura 2. Árbol filogenético bayesiano (Bouckaert et al. 2014) obtenido a partir de 15 secuencias parciales del gen del citocromo b del ADNmt de distintas especies de roedores. La muestra recuperada en el volcán Tuzgle e identificada como *M. shiptoni* corresponde a la secuencia indicada como Tuzgle Sur 2. Las probabilidades posteriores se muestran cerca de los nodos. *Myocastor coypus* fue seleccionado como outgroup. **Figure 2.** Bayesian phylogenetic tree (Bouckaert et al. 2014) based on 15 partial sequences of the mitochondrial cytochrome b gene from different rodent species. The sample recovered from Volcán Tuzgle and identified as *M. shiptoni* corresponds to the sequence labeled as Tuzgle Sur 2. Posterior probabilities are shown near the nodes. *Myocastor coypus* was selected as outgroup.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado con un subsidio de la National Geographic Society (EC-106634R-23) otorgado al Dr. Alejandro Pietrek. Agradecemos al Ministerio de Ambiente y Cambio Climático de Jujuy por los permisos de investigación emitidos (Resolución N° 015/2024-SBDS). Agradecemos a los revisores anónimos sus útiles comentarios y sugerencias sobre el manuscrito. Se han seguido todas las normas internacionales, nacionales y/o institucionales aplicables para el muestreo, cuidado y uso experimental de los organismos para el estudio. Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

LITERATURA CITADA

- ANDERSON, S. ET AL. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature* 290:457–465. <https://doi.org/10.1038/290457a0>
- BOUCKAERT, R. ET AL. 2014. BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS Computational Biology* 10:e1003537. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1003537>
- CARILLA, J., A. GRAU, & A. S. CUELLO. 2018. Vegetación de la Puna argentina. *La Puna Argentina: Naturaleza*



- y Cultura (R. H. Grau, J. M. Babot, A. E. Izquierdo & A. Grau, eds.). Fundación Miguel Lillo, Tucumán.
- DUÁREZ MENDOZA, J. L. 2017. Boom minero, conflictos socioambientales e identificaciones políticas en Los Andes: los casos de Abra Pampa (Argentina) y Espinar (Perú). Tesis de Doctorado, Universidad Nacional de San Martín, San Martín, Argentina.
- DUNNUM, J. L. 2015. Family Caviidae G. Fischer, 1817. Mammals of South America, volume 2 – Rodents (J. L. Patton, U. F. J. Pardiñas & G. D'Elía, eds.). The University of Chicago Press, Chicago. <https://doi.org/10.7208/chicago/9780226169606.001.0001>
- FABBRONI, M. 2015. Flora de Tocomar y Campo Amarillo (Salta, Argentina). Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica 50:171–192. <https://doi.org/10.31055/1851.2372.v50.n2.11662>
- GOOGLE EARTH 7.3.6.1. 2023. Volcán Tuzgle, 66° 28,44"O 24°03,22"S. <<https://earth.google.com/web/>>
- OJEDA, R. A., & A. DEL P. TARQUINO-CARBONELL. 2019. *Microcavia shiptoni*. Categorización 2019 de los mamíferos de Argentina según su riesgo de extinción. Lista Roja de los mamíferos de Argentina (SAyDS-SAREM, eds.). <https://doi.org/10.31687/SaremLR.19.336>
- OYARZABAL, M. ET AL. 2018. Unidades de vegetación de la Argentina. Ecología Austral 28:40–63. <https://doi.org/10.25260/EA.18.28.1.0.399>
- QUINTANA, C. 1996. Diversidad del roedor *Microcavia* (Caviomorpha, Caviidae) de América del sur. Mastozoología Neotropical 3:63–86.
- ROSAS, S., & B. L. L. COIRA. 2008. El Tuzgle. Algo más que un volcán. Servicio Geológico Minero Argentino. Instituto de Geología y Recursos Minerales, Buenos Aires.
- SANDOVAL, M. L. 2012. Diversidad y distribución de micromamíferos en las Yungas de Argentina. Tesis de Doctorado. Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina.
- SPOTORNO, A. E., & J. L. PATTON. 2015. Superfamily Chinchilloidea Bennett, 1833. Mammals of South America 2:762–783. <https://doi.org/10.7208/chicago/9780226169606.001.0001>
- SPOTORNO, A. E., J. P. VALLADARES, J. C. MARIN, R. E. PALMA, & C. ZULETA R. 2004. Molecular divergence and phylogenetic relationships of chinchillids (Rodentia: Chinchillidae). Journal of Mammalogy 85:384–388. <https://doi.org/10.1644/BRB-119>
- TAMURA, K., G. STECHER, & S. KUMAR. 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. Molecular biology and evolution 38:3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- TETA, P. ET AL. 2021. Sistemática de mamíferos de Argentina: patrones, tendencias y perspectivas en la acumulación de conocimientos. Mastozoología Neotropical 8(1):e0514. <https://doi.org/10.31687/saremMN.21.28.1.0.14>
- TETA, P., J. P. JAYAT, & P. E. ORTIZ. 2022a. Una nueva especie del género *Microcavia* (Rodentia, Caviidae). Therya 13:103–114. <https://doi.org/10.12933/therya-22-1217>
- TETA, P., J. P. JAYAT, P. E. ORTIZ, & G. D'ELÍA. 2022b. Morphological redescription, phylogenetic position, and distribution of the near threatened cavy *Microcavia shiptoni* (Thomas, 1925), with a key for the living species of *Microcavia*. Mammalia 87:70–80. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2022-0033>
- TETA, P., R. A. OJEDA, S. O. LUCERO, & G. D'ELÍA. 2017. Geographic variation in cranial morphology of the Southern Mountain Cavy, *Microcavia australis* (Rodentia, Caviidae): taxonomic implications, with the description of a new species. Zoological Studies 56:e29. <https://doi.org/10.6620/ZS.2017.56-29>
- THOMAS, O. 1925. XLV A new genus of cavy from Catamarca. Annals and Magazine of Natural History 15:418–420.
- WERLE, E., C. SCHNEIDER, M. RENNER, M. VÖLKER, & W. FIEHN. 1994. Convenient single-step, one tube purification of PCR products for direct sequencing. Nucleic acids research 22:4354–4355. <https://doi.org/10.1093/nar/22.20.4354>

