

Efecto del paisaje sobre la conectividad funcional de la rana arborícola *Agalychnis dacnicolor* en un bosque tropical caducifolio de México

Sara Covarrubias¹, Carla Gutiérrez-Rodríguez² & Clementina González¹

¹Instituto de Investigaciones sobre los Recursos Naturales, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo.

²Red de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología AC (INECOL).

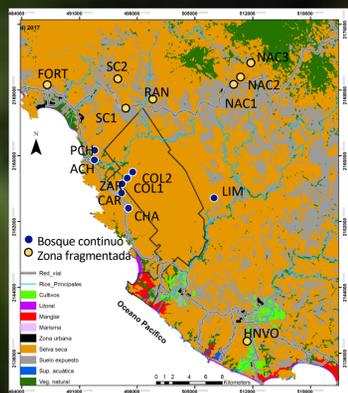
INTRODUCCIÓN

- Los paisajes heterogéneos tienen un importante efecto sobre la estructura genética y conectividad de las poblaciones.
- Los estudios que evalúan dicho efecto (i.e. genética del paisaje) son importantes para desarrollar estrategias de conservación que promuevan y mantengan la conectividad entre poblaciones de organismos que habitan en ecosistemas que experimentan cambios rápidos y recientes.
- Los anfibios, que actualmente enfrentan los mayores declives poblacionales a nivel mundial, son uno de los taxa más afectados por la alteración del hábitat.

OBJETIVOS

1. Evaluar patrones de diversidad y estructura genética a escala fina de *Agalychnis dacnicolor* en un paisaje heterogéneo en la región de Chamela.
2. Determinar el efecto de la pérdida de vegetación original en los patrones de diversidad y estructuración genética de las poblaciones de *A. dacnicolor*.
3. Determinar los elementos naturales y antropogénicos que mejor explican la diferenciación genética.

MÉTODOS



1. Colecta de muestras

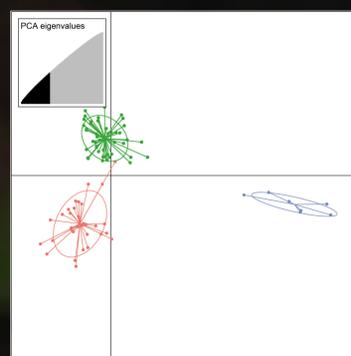
86 muestras de tejido
8 sitios de bosque continuo
8 sitios de zonas fragmentadas



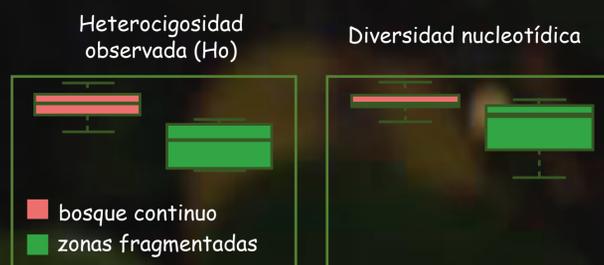
2. Obtención de SNPs

Extracción de ADN
Construcción de bibliotecas genómicas (RADseq)
Secuenciación en Illumina HiSeq
Análisis de fragmentos de 150pb
Ensamblaje *denovo*
Pipeline de Stacks
Obtención de 41,236 SNPs

- 2 Las dos primeras funciones discriminantes de un análisis discriminante de componentes principales (DAPC), identificaron los mismos 3 grupos que con ADMIXTURE.



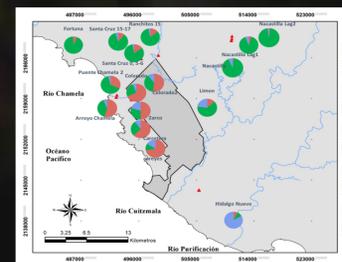
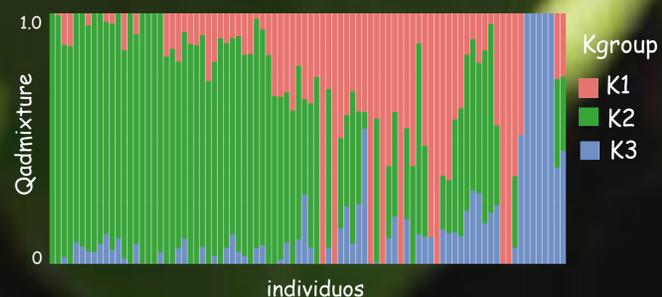
- 3 La diversidad genética (heterocigosidad observada y diversidad nucleotídica) fue mayor en los sitios de bosque continuo que en la zona fragmentada.



(Wilcoxon test, $W = 55$, $P = 0.001$, π ; $W = 61$, $P = 0.001$, heterocigosidad observada).

RESULTADOS

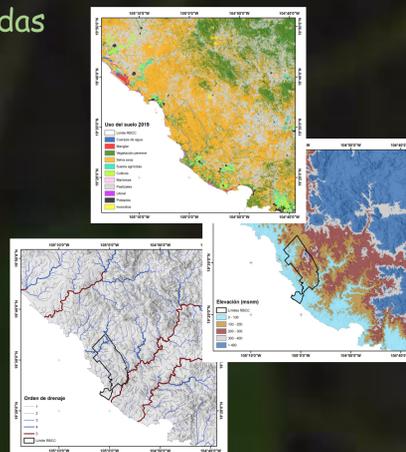
- 1 Tres grupos genéticos detectados ($K = 3$) con un análisis de asignación (ADMIXTURE). La mayoría de individuos asignados a los grupos verde y azul son de sitios fragmentados, la mayoría de individuos asignados al grupo rojo son de sitios dentro del bosque continuo.



3. Capas del paisaje utilizadas

Cobertura y uso de suelo
Elevación
CTI
Pendiente
Carreteras y terracerías
Ríos de 1-4 y 5 orden

Resolución 300m



- 4 La distancia geográfica fue el mejor predictor de la distancia genética, seguida de las carreteras y la elevación de acuerdo con los resultados de un modelo lineal generalizado de efectos mixtos (MLPE) después de optimizar las superficies de resistencia con ResistanceGA.

Superficie	Avg. AICc	Avg. weight	Avg. rank	Top model (%)
Distancia geográfica	-505.78	0.1053	3.81	82.46
Carreteras 2 carriles	-503.74	0.07	4.69	10.77
Elevación	-499.38	0.012	6.81	6.28
Terracerías	-503.04	0.02	5.05	0.47
Ríos 5to. orden	-502.55	0.02	5.96	0
Ríos 1 - 4to. orden	-501.90	0.013	7.11	0
CTI	-499.11	0.003	7.35	0
Pendiente	-499.06	0.002	7.78	0
Cobertura	-405.87	9.42 E-23	10.59	0

CONCLUSIONES

1. La variación genética fue mayor en los sitios del bosque continuo que en la zona fragmentada.
2. La fragmentación y pérdida de hábitat parecen estar limitando la conectividad de individuos y de genes. La dirección del flujo es de la zona fragmentada hacia el bosque continuo.
3. La distancia geográfica entre sitios fue la variable que mejor explicó los patrones genéticos detectados.
4. La elevación y las carreteras fueron los elementos del paisaje que después de la distancia geográfica explican mejor los patrones de estructura genética.