



Genética del paisaje y estructura genética de *Anolis nebulosus* en el bosque tropical caducifolio del occidente de México



Martha Elena Mejía-Maya¹, Rafael Hernández-Guzmán² y Clementina González¹

¹Instituto de Investigaciones sobre los Recursos Naturales, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH)

²Cátedras CONACyT, Instituto de Investigaciones sobre los Recursos Naturales, UMSNH



Introducción

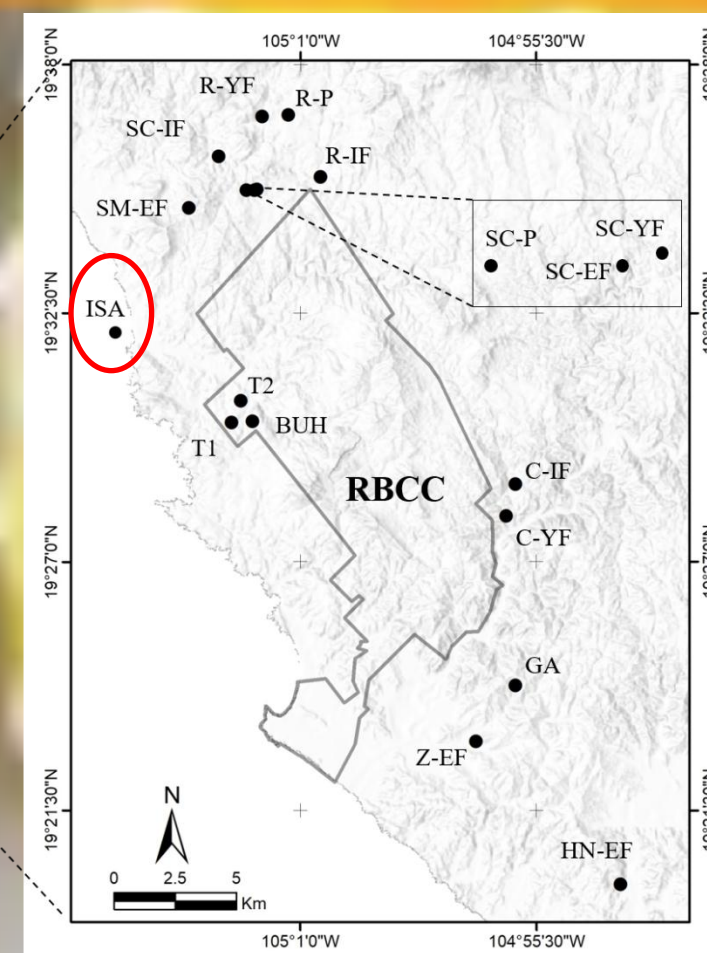
- La conectividad del paisaje puede facilitar la dispersión de organismos para mantener poblaciones viables y genéticamente diversas, además, los patrones de flujo genético están determinados en gran medida por la estructura y composición del paisaje.
- La pérdida de hábitat ha conducido a las poblaciones naturales de muchos organismos a disminuir su conectividad funcional debido al incremento de la fragmentación por factores naturales y antropogénicos.
- El bosque tropical caducifolio (BTC) en México ha sufrido una reducción del 60% de la cobertura original, aumentando la tasa de extinción local para las especies sensibles a factores antropogénicos, como los vertebrados pequeños.
- Anolis nebulosus*, al igual que otros reptiles, es un excelente modelo de estudio para documentar los efectos de las modificaciones del hábitat sobre los patrones de estructura y flujo genético, debido a su reducida capacidad de dispersión, fisiología térmica y alta vulnerabilidad a las modificaciones del hábitat.

Objetivo

Analizar el efecto de las características del paisaje sobre la estructura y flujo genético de poblaciones de *Anolis nebulosus*, dentro de un bosque tropical caducifolio en la región de Chamela.

Materiales y Métodos

Área de estudio



- Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala/Alrededores
- 17 poblaciones: 16 continentales y la Isla San Agustín (ISA)
- Colecta en campo entre 2-10 individuos por población y del Banco de tejidos de la colección Herpetológica UMSNH, INIRENA
- BTC primario y fragmentos de bosque bajo diferentes estadios de sucesión:
 - EF= bosque temprano 5-6 años de abandono
 - YF= bosque joven 8-10
 - IF= bosque intermedio 15-17
 - P= pastizales

Trabajo de laboratorio

Extracción y amplificación de microsátelites

Extracción de ADN → 9 microsátelites → Servicio externo de secuenciación



Asignación de tamaño de alelos

Análisis del paisaje

Creación de capas de resistencia (30 m)

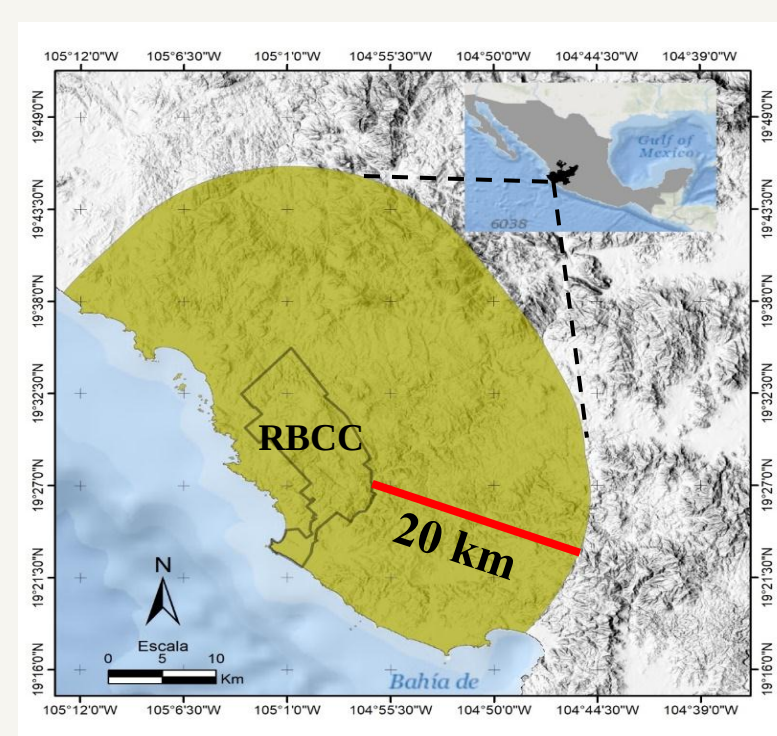
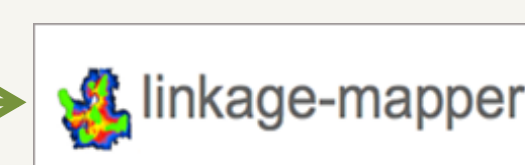
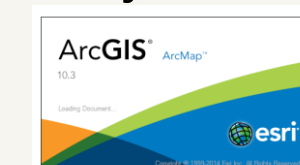
- Tipo de cobertura
- Pendiente
- Distancia a carreteras
- Distancia a ríos

Categorías en cada capa

Reclasificar por opinión de expertos

Menor resistencia = 1

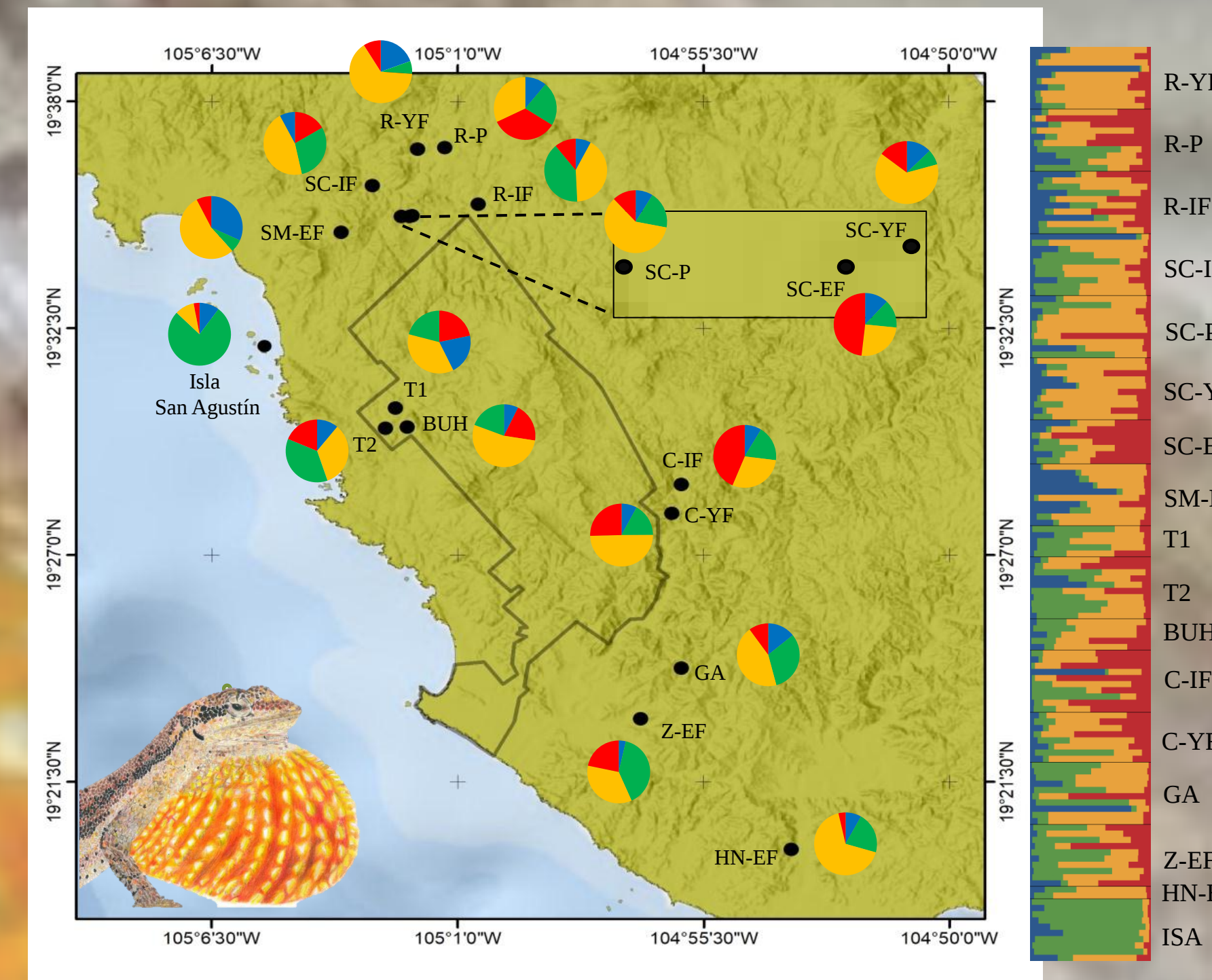
Mayor resistencia = 100



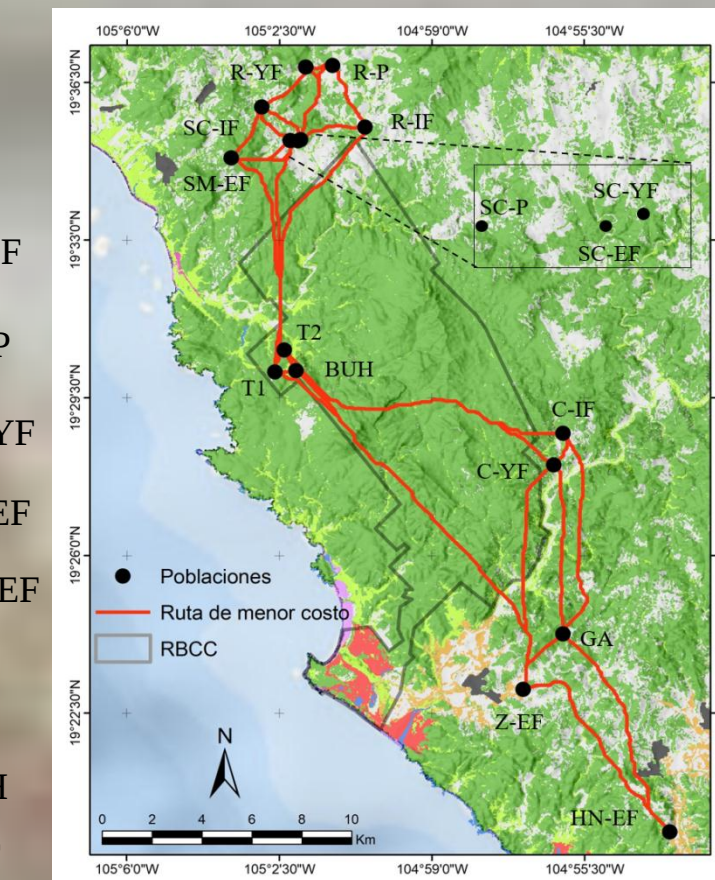
Resultados

- Nuestros resultados mostraron niveles moderados de diversidad genética dentro de las 17 poblaciones.
- Se encontraron cuatro grupos genéticos ($K = 4$) en el análisis de asignación bayesiana

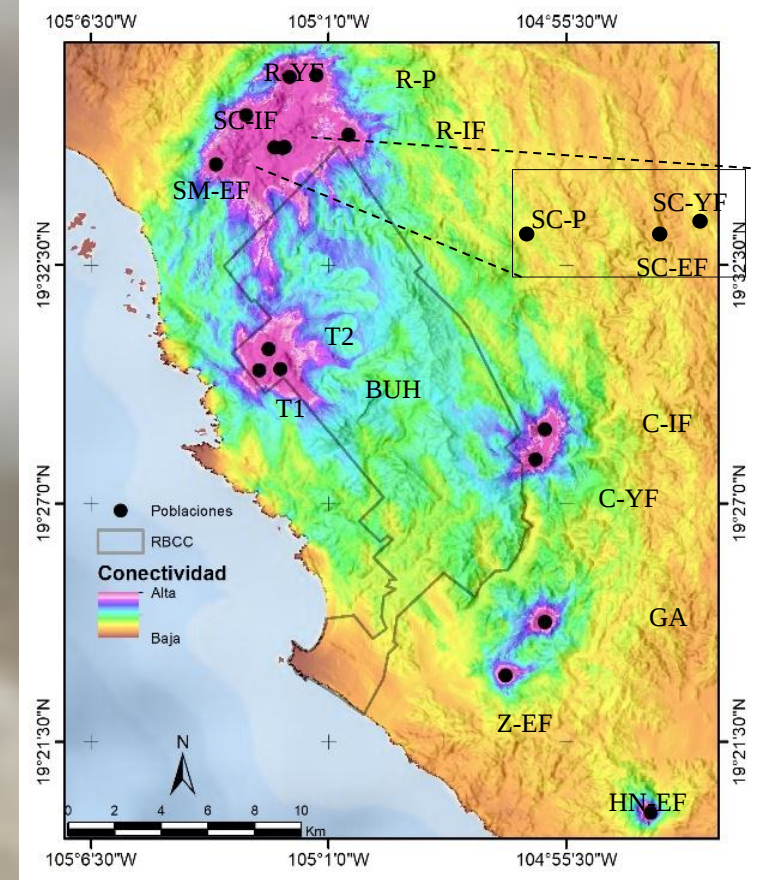
STRUCTURE



Ruta de menor costo



Teoría de Circuitos



- 34 corredores potenciales
- Mayor conectividad entre poblaciones dentro de la reserva con las de la zona Noreste

- Resultados del análisis *Maximum likelihood populations effects* MLPE

Distancia genética	Modelo	Variables	Dirección	R ²	P	AIC	BIC	logLik
<i>F_{ST}</i>	A	Distancia geográfica	+	0.66	0.04	-57.79	-41.06	34.89
		Ríos	-		0.02			
		Tipo de cobertura	NS		NS			
<i>Dest</i>	B	Distancia geográfica	+	0.66	0.03	-57.60	-43.66	33.80
		Ríos	NS		NS			
		Tipo de cobertura	NS		NS			
<i>Dest</i>	A	Tipo de cobertura	+	0.09	0.006	340.6	354.54	-165.30
		Carreteras	NS		NS			
		Tipo de cobertura	+	0.09	0.01	341.5	355.44	-164.7
		Ríos	NS		NS			

- La distancia geográfica, la distancia a ríos y el tipo de cobertura fueron los modelos que mejor explicaron la diferenciación genética *F_{ST}*.
- Para la *Dest* las variables explicativas fueron el tipo de cobertura y distancia a carreteras.

Discusión y conclusiones

- Nuestros resultados mostraron niveles moderados de diversidad genética.
- La isla San Agustín mostró fuerte divergencia genética en comparación con las poblaciones continentales
- Se encontraron relaciones significativas entre la heterogeneidad del paisaje y los patrones de flujo y estructura genética
- Los bosques secundarios actualmente son de gran importancia, albergan una gran cantidad de especies y funcionan como corredores biológicos para mantener la conectividad y ser complemento para las áreas naturales protegidas como la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala.