Revista Mexicana de Biodiversidad 85: 251-261, 2014
DOI: 10.7550/rmb.36116

Diversidad genética y abundancia relativa de *Didelphis marsupialis* y *Didelphis virginiana* en Chiapas, México

Genetic diversity and relative abundance of *Didelphis marsupialis* and *Didelphis virginiana* in Chiapas, Mexico

Bárbara Cruz-Salazar[1]✉, Lorena Ruiz-Montoya[1], Darío Navarrete-Gutiérrez[1], Eduardo E. Espinoza-Medinilla[2], Ella Vázquez-Domínguez[3] y Luis Bernardo Vázquez[1]

[1]*El Colegio de La Frontera Sur, Unidad San Cristóbal de las Casas. Carretera Panamericana s/n. Barrio de María Auxiliadora, 29200 San Cristóbal de Las Casas, Chiapas, México.*
[2]*Investigación y Posgrado, Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas. 1a. Sur Poniente Núm. 1460, 29290 Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, México.*
[3]*Departamento Ecología de la Biodiversidad, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México Ciudad Universitaria. Apartado postal 70-275, 04510 México D. F., México.*
✉ *bcruz@ecosur.edu.mx*

Resumen. En especies de amplia distribución, como *Didelphis marsupialis* y *Didelphis virginiana*, se predicen tamaños poblacionales grandes, alta diversidad y poca diferenciación genética. En este estudio se estimó la abundancia relativa de *D. marsupialis* y *D. virginiana* mediante la captura de organismos en la región de Los Altos y la Depresión Central de Chiapas. Se estimó también la diversidad y estructura genética a partir de 7 loci microsatélites. La abundancia relativa fue baja, entre 0.008-0.06 individuos trampas noches y la mayor incidencia de tlacuaches se observó en la Depresión Central. La proporción de sexos se ajustó significativamente a la relación 1:1 en ambas especies. La mayor diversidad genética se registró en la Depresión Central en *D. virginiana* (H_e= 0.58) con altos niveles de endogamia. Se observó diferenciación genética moderada entre las especies (F_{rt}= 0.13) y mínima entre poblaciones de cada especie (F_{sr}= 0.01). A pesar de que los valores de diversidad genética fueron moderados, *D. marsupialis* y *D. virginiana* tienen abundancias relativas bajas con altos niveles de endogamia, lo que puede tener consecuencias negativas a futuro sobre la variabilidad genética de estas especies en las poblaciones estudiadas.

Palabras clave: tlacuaches, estructura poblacional, microsatélites, loci, heterocigosidad, variación genética, estructura genética.

Abstract. In wide distribution species, as *D. marsupialis* and *D. virginiana*, large population sizes, high diversity and little genetic differentiation are predicted. In this study, the relative abundance of *D. marsupialis* and *D. virginiana* by capturing organisms in the Highlands and the Central Depression regions, in Chiapas, was estimated. Also the diversity and structure genetic from 7 microsatellite loci were estimated. The relative abundance was low (between 0.008-0.06 individuals traps nights) and the highest incidence of opossums was observed in the Central Depression. The sex ratio was significantly adjusted to the relation 1:1 in both species. The greater genetic diversity was recorded in the Central Depression in *D. virginiana* (H_e= 0.58), with high levels of inbreeding. Genetic differentiation moderate was observed between species (F_{rt}= 0.13) and minimum among populations of each species (F_{sr}= 0.01). Although the values of genetic diversity were moderate, *D. marsupialis* and *D. virginiana* have low abundances with high levels of inbreeding, which may have negative consequences in the future on the genetic variability of these species in the studied populations.

Key words: opossums, population structure, microsatellites, loci, heterozygosity, genetic variation, genetic structure.

Introducción

Las poblaciones presentan variación en tamaño, densidad y distribución en escalas tanto temporales como espaciales (Maurer, 2000; Hey y Machado, 2003). A escala espacial local los patrones de distribución están determinados principalmente por competencia, depredación, disponibilidad de recursos alimenticios y de refugios, mientras que a escala regional también intervienen la migración, dispersión y extinción (Steiner y Catzeflis, 2004; Stropp et al., 2009). Los cambios en tamaño y distribución de las poblaciones influyen, a su vez, en los patrones y niveles de diversidad genética (Vázquez-Domínguez et al., 2012).

Recibido: 27 febrero 2013; aceptado: 24 septiembre 2013

Los marsupiales son mamíferos considerados ancestrales, ya que en el Cretácico superior y principios del Cenozoico tuvieron una notable radiación adaptativa, sobre todo en cuanto a hábitos alimenticios y características morfológicas en Australia y parte del continente Americano, dando lugar a los mamíferos placentarios (Clemens, 1968). En México se distribuyen 8 especies de marsupiales, dentro del orden Didelphimorphia, en 7 géneros (*Marmosa*, *Tlacuatzin*, *Caluromys*, *Chironectes*, *Didelphis*, *Metachirus* y *Philander*) (Medina-Romero et al., 2012). De ellos, el género *Didelphis* es uno de los más ampliamente distribuidos (Sunquist et al., 1987), con 2 especies: *D. virginiana* y *D. marsupialis* (Ringier, 1961; Gardner, 1973; Sunquist et al., 1987). Estas especies son consideradas generalistas (Cabello, 2006), oportunistas y exitosas, capaces de habitar distintos ambientes, incluso con incidencia de perturbaciones antropogénicas (Sunquist et al., 1987; Adler et al., 1997). Los individuos son capaces de desplazarse a grandes distancias en poco tiempo y pueden cambiar de hábitos alimenticios con relativa facilidad, lo que probablemente ha ayudado a que las especies ocupen grandes áreas en su distribución geográfica (Ringier, 1961; Gardner, 1973; Sunquist et al., 1987). Las hembras no dan atención individual a las crías y tienen 2 camadas por año hasta con 13 crías por camada (MacManus, 1970, 1974).

Los patrones de distribución, hábitos alimenticios, alta capacidad de reproducción y resistencia o flexibilidad a perturbaciones antropogénicas de *D. marsupialis* y *D. virginiana*, permiten suponer que son especies cuyas poblaciones son relativamente grandes y con poca diferenciación genética. Sin embargo, no se ha estudiado su diversidad genética ni su dinámica demográfica en México. Se conocen aspectos generales, su taxonomía, comportamiento y hábitos alimenticios y relaciones filogenéticas (Ceballos y Oliva, 2005; Medina-Romero et al., 2012). En otros países se han estudiado aspectos poblacionales (Tyndale-Biscoe y MacKenzie, 1976; Holmes, 1991; Adler et al., 1997; Gehrt et al., 1997; Cáceres y Monteiro-Filho, 1998; Kelly y Caro, 2003; Cabello, 2006), influencia del paisaje y el efecto de variables microclimáticas en su supervivencia (MacManus, 1971; Fleck y Harder, 1995; Gehrt et al., 1997; Orjuela y Jiménez, 2004; Kanda et al., 2005); la relación de la estructura del hábitat, abundancia de recursos y áreas urbanas con la abundancia (Lambert et al., 2005; Markovchick-Nicholls et al., 2007) y sobre filogeografía de 5 especies de la Región de Guayana (Steiner y Catzeflis, 2004).

En el presente estudio se exploró el tamaño poblacional de *D. marsupialis* y *D. virginiana* en México, así como la diversidad y estructura genética. Los objetivos específicos fueron: *i)* estimar la abundancia relativa, proporción de sexos, peso y talla de los individuos de las 2 especies en las poblaciones de Los Altos y la Depresión Central de Chiapas y *ii)* determinar la diversidad genética y el grado de diferenciación genética intra e interespecífica.

Materiales y métodos

Área de estudio. El estudio se realizó en 2 regiones de Chiapas, en Los Altos y la Depresión Central. Se eligieron estas 2 regiones dado que ambas especies son relativamente abundantes (Naranjo et al., 2005). Estas 2 regiones son espacialmente contiguas y representan una superficie geográfica amplia (Rangel-Salazar et al., 2005; Rodiles-Hernández, 2005), por lo que permiten incluir un intervalo adecuado de variación en parámetros climáticos, precipitación, temperatura, humedad, suelo; de asociaciones vegetales y áreas de cultivo activas o abandonadas (González-Espinosa et al., 2005, 2006). Lo anterior es importante porque dichas variaciones ambientales pueden determinar la estructura poblacional o demográfica de *Didelphis* (Adler et al., 1997; Cáceres y Monteiro-Filho, 1998), lo que a su vez influye en la diversidad genética. De esta manera, se incrementó la probabilidad de tener poblaciones grandes y con una distribución geográfica amplia de *Didelphis*.

En la Depresión Central de Chiapas se ubicó un sitio de muestreo en el cerro Coquelexquitzán (CC), al sureste del municipio de Tuxtla Gutiérrez (Cuadro 1). La vegetación predominante es selva baja caducifolia, con temperatura media anual de 20 a 29º C, con una estación de secas, noviembre-mayo, y otra de lluvias, junio-octubre, con una precipitación media anual de 922 mm.

En Los Altos de Chiapas se ubicaron 5 sitios de muestreo: *i)* Reserva Biológica Cerro Huitepec (HU); *ii)* Amatenango del Valle (AV); *iii)* Villa de las Rosas (VR), Corral de Piedra (CP) y *iv)* Reserva Biológica Moxviquil (MO) (Cuadro 1). La vegetación que predomina en los sitos son asociaciones de pino-encino, en diferentes estados sucesionales. El bosque más viejo se encuentra en HU (> 40 años) (Ramírez-Marcial et al., 2001). En MO son bosques que desde hace 15 años dejaron de ser explotados intensivamente, desde entonces están en un proceso de regeneración natural, aunque en algunas zonas persiste la extracción de leña (González et al., 2012). VR, CP y AV son sitios con bosques perturbados por la extracción de leña y productos no maderables, y también hay áreas que han sido convertidas en cultivos y pequeños asentamientos humanos (B. Cruz-Salazar, obs. pers.). Se consideró la diferencia en el número de sitios de muestreo en cada región para el análisis e interpretación de resultados obtenidos.

Download English Version:

https://daneshyari.com/en/article/4461701

Download Persian Version:

https://daneshyari.com/article/4461701

Daneshyari.com