



CARTELES

SESIÓN CA29. Genética

Viernes 09 de Septiembre de 2016, Patio de la Autonomía, Palacio de Minería

Mampara

- 240 **Adaptación local en fragmentos de la selva de Los Tuxtlas: el caso de *Aphelandra aurantiaca*, una herbácea del sotobosque (ID_916)**
Pilar Suárez Montes, Sabine Cudney Valenzuela y Juan Núñez Farfán
- 241 **Cambio en la estructura genética de maíces nativos a corto plazo (ID_1445)**
Idalia Claudia Rojas Barrera
- 242 **Código de barras genético de la flora de la Estación Chajul, Selva Lacandona, Chiapas (ID_799)**
Mónica Adriana Flores Iniestres
- 243 **Detección de las regiones organizadoras del nucléolo por hibridación Fluorescente In Situ (FISH) en *Lilium longiflorum* (ID_673)**
Verónica Cepeda-Cornejo, Rodrigo Barba-González, Guadalupe Palomino Hasbach, Julio R. Daviña y Ana I. Honfi
- 244 **Distribución y variación genética de *Pinus greggii* Engelm (ID_1308)**
María del Carmen Domínguez Bautista, Xitlalli Aguirre Dugua, David S. Gernandt y Alejandra Moreno Letelier
- 245 **Diversidad genética del género *Pinguicula* (Lentibulariaceae) en el estado de San Luis Potosí (ID_1276)**
Gabriela Salazar Saladino
- 246 **Diversidad y estructura genética de *Quercus castanea* Née (Fagaceae) en las sierras del estado de Oaxaca, México (ID_640)**
Alberto Esteban Pérez Pedraza, Wilfrido Ramírez Toro y Alberto Ken Oyama Nakagawa
- 247 **El espacio intergénico de cloroplasto psbA-trnH en la filogenia de Lauraceae (ID_1413)**
María E. Cruz-Maya y Lily X. Zelaya-Molina
- 248 **Hacia una estrategia de conservación de *Rhizophora mangle* en México: genética de poblaciones (ID_1352)**
Vania Jiménez-Lobato, Sabina Velázquez_Márquez, Mariel Ochoa Zavala, Pilar Suárez Montes, Jesús Torres García, Rosalinda Tapia López y Juan Núñez-Farfán
- 249 **Números cromosómicos y contenido de ADN nuclear en *Echeveria* (ID_754)**
Guadalupe Palomino Hasbach, V. Cepeda-Cornejo, H. Correa, J. Reyes Santiago y A. Islas Luna
- 250 **Redes de regulación genética en el estudio de la diferenciación celular plástica de las hojas de *Arabidopsis thaliana* (ID_729)**
Andrea Domínguez, Mariana Benítez, Jan Hejátko y Luis Mendoza
- 251 **Variabilidad y estructura genética de poblaciones de mangle negro (*Avicennia germinans*) en hábitats fragmentados en las costas de México (ID_831)**
Lourdes Martínez García y Juan Núñez-Farfán



Adaptación local en fragmentos de la selva de Los Tuxtlas: el caso de *Aphelandra aurantiaca*, una herbácea del sotobosque

Pilar Suárez Montes, Sabine Cudney Valenzuela y Juan Núñez Farfán

La fragmentación del hábitat es una de las principales amenazas para la biodiversidad ya que aísla y reduce las poblaciones. Sus efectos pueden provocar la pérdida de diversidad genética, afectar la capacidad de adaptación y aumentar el riesgo de extinción. Así, la adaptación local es un proceso crítico que puede determinar la persistencia de las especies frente a los efectos negativos debidos a la fragmentación. Examinamos los efectos de fragmentación del hábitat en los patrones de adaptación local de *Aphelandra aurantiaca* en dos poblaciones fragmentadas y dos de selva continua en Los Tuxtlas, Veracruz. Realizamos un experimento de trasplantes recíprocos con 1574 plántulas (80 familias maternas); caracterizamos las condiciones ambientales y realizamos censos periódicos. Para medir el desempeño y vigor registramos la supervivencia, altura, área foliar, número de hojas, porcentaje de daño foliar, tamaño de inflorescencia, porcentaje de plantas que produjeron inflorescencias, número de flores y número de frutos en los cuatro sitios. El experimento de trasplantes indica que las plantas originarias de la selva continua tienen mayor supervivencia en su sitio de origen con respecto a las plantas provenientes del hábitat fragmentado. Esto sugiere adaptación local debida a la fuerte presión de selección ambiental en la selva continua. Por el contrario, en los fragmentos, las condiciones ambientales favorecen la supervivencia y el incremento del área foliar independientemente de su origen. Sin embargo, en el último censo los individuos provenientes del continuo de selva presentaron mayor supervivencia y fertilidad independientemente de dónde son trasplantados. Esto indica que las plantas provenientes de la selva continua tendrán mayor capacidad de desarrollarse en diferentes ambientes. Nuestros resultados muestran que las condiciones físicas del hábitat fragmentado parecen favorecer la supervivencia y el incremento del área foliar en *A. aurantiaca*, pero sólo aquellas plantas localmente adaptadas tanto a condiciones de luz y sombra se desempeñarán mejor en la selva continua.

(ID_916)

Cambio en la estructura genética de maíces nativos a corto plazo

Idalia Claudia Rojas Barrera

El objetivo de este trabajo fue identificar cambios a corto plazo en la estructura genética de un grupo de razas nativas de maíz. Para ello, se compararon los genotipos de 57 muestras de seis razas colectadas en las décadas de 1940, 1950 y 2000, en Michoacán, Jalisco, Estado de México y Guerrero. Las semillas fueron germinadas, se extrajo DNA de tejido foliar y se analizó por GBS en la Universidad de Cornell. El llamado y filtrado de datos se realizó con el software Tassel; la estructura de las poblaciones y el análisis de Componentes Principales se hicieron con el programa fastStructure y el paquete SNPRelate en R, respectivamente, empleando 33,051 SNPs. Las razas de 1940-1950, se separaron en 3 grupos diferentes al de las muestras colectadas en el 2000, las últimas se agruparon en un sólo conjunto, a excepción de la raza Chalqueño la cual presenta mayor pertenencia al grupo de la misma raza, pero de 1950. Las observaciones anteriores coinciden con el análisis de Componentes Principales, las muestras del 2000 mostraron cercanía, mientras que las más antiguas tienden a formar grupos definidos. Los individuos de Chalqueño de diferentes periodos se agruparon sobre el eje del primer componente, en cambio, las muestras de Pepitilla y Tabloncillo de 1940, se distribuyen en el eje del segundo componente. Lo anterior nos permite concluir de manera preliminar, que las poblaciones de maíces nativos han cambiado en el periodo de tiempo estudiado y tienden a homogeneizarse. Esto puede deberse al abandono de la agricultura tradicional y cambios en prácticas de cultivo como el uso de semilla híbrida. En análisis posteriores se incluirán un mayor número de razas, para verificar la tendencia observada e identificar las regiones génicas involucradas en el cambio de la estructura de los maíces nativos estudiados.

(ID_1445)

Código de barras genético de la flora de la Estación Chajul, Selva Lacandona, Chiapas

Mónica Adriana Flores Iniestres

El objetivo de este trabajo fue generar códigos de barras genéticos, así como actualizar la información de la diversidad de plantas vasculares de la Selva Lacandona en la Estación Chajul, Chiapas. Personal del Instituto de Biología de la UNAM, en colaboración con la ONG Natura Mexicana y alumnos de Servicio Social realizaron una salida de campo de 9 días a la estación Chajul. Se realizó un muestreo en 16 cuadrantes, abarcando selva alta perennifolia, selva baja subperennifolia, sabana y selva mediana subcaducifolia. Alternamente, se recolectaron ejemplares en los alrededores de La Estación. Posteriormente se herborizaron y se tomaron muestras de tejido de cada ejemplar, las cuales se deshidrataron en gel sílice. Los ejemplares fértiles se identificaron taxonómicamente y los estériles, se identificaron con técnicas moleculares a través del programa Geneious 8.1.7 (www.geneious.com) por medio de la opción MEGABLAST y realizando árboles de distancia genética con la secuencia problema y de 50 a 100 secuencias recuperadas con el MEGABLAST. Se muestrearon 109 árboles en los cuadrantes y 306 ejemplares en los alrededores de la estación, obteniendo un total de 415 ejemplares. Como parte de proyectos de servicio social, se han obtenido 341 extracciones de ADN, 269 secuencias de matK y rbcL, 32 códigos de barras estándar y se han identificado el 70% de los ejemplares taxonómicamente y molecularmente. Los ejemplares fértiles fueron integrados a la colección del Herbario Nacional (MEXU).

(ID_799)

Detección de las regiones organizadoras del nucléolo por hibridación Fluorescente In Situ (FISH) en *Lilium longiflorum*

Verónica Cepeda-Cornejo, Rodrigo Barba-González, Guadalupe Palomino Hasbach, Julio R. Daviña y Ana I. Honfi

Lilium longiflorum es una especie ornamental nativa de Japón, no obstante se encuentran poblaciones distribuidas en Argentina. Estas poblaciones crecen naturalmente en áreas de vegetación natural. El objetivo del presente trabajo fue realizar el marcaje por Hibridación Fluorescente In Situ (FISH) de las regiones organizadoras del nucléolo 45S y 5S, en poblaciones naturales de *Lilium longiflorum* que crecen en Argentina, Misiones, Departamento Montecarlo. Se realizó el mismo marcaje por FISH en una variedad comercial de *L. longiflorum* para contrastar las diferencias entre cultivares. Bulbos de *L. longiflorum* fueron colectados en Misiones, Argentina y crecidas en CIATEJ, Guadalajara. Asimismo bulbos comerciales de la misma especie fueron crecidos en condiciones in vitro. Se realizó la colecta y pretratamiento de meristemas de raíz para ambos cultivares para la obtención de preparaciones cromosómicas. Sondas ya establecidas para la detección de las regiones organizadoras del nucléolo: 45S (pTa71) y 5S (pTa745) fueron marcadas con los fluorocromos tetrametilrodamina y fluoresceína. Las regiones fueron detectadas en un microscopio de fluorescencia. Se empleó el software Image Pro-Plus (Media Cybernetics) para la integración de las imágenes. Se cuantificaron 24 cromosomas en *Lilium longiflorum* tanto en la población que crece en Argentina, como en la variedad comercial. Asimismo se detectaron tres pares homólogos que presentan la región 45S, seis sitios en total. Las regiones NOR se presentaron sobre o cercanas a las constricciones secundarias. La región 5S fue localizada en los dos cromosomas del par homólogo que también presentan la región 45S. Los resultados muestran que la posición de las regiones organizadoras del nucléolo de la población que crece en Argentina no presenta variación con la variedad comercial. Esto sugiere que el tiempo de aislamiento que ha tenido la población en Argentina no ha causado variación en el número y ubicación de las regiones que codifican para el organizador nucleolar.

(ID_673)



Distribución y variación genética de *Pinus greggii* Engelm

María del Carmen Domínguez Bautista, Xitlalli Aguirre Dugua, David S. Gernandt y Alejandra Moreno Letelier

Se presenta el estudio de diversidad genética y estructura poblacional de *Pinus greggii* var. *australis* mediante el análisis de secuencias de cinco genes nucleares. El muestreo taxonómico de *Pinus greggii* var. *australis* se realizó en los municipios de Xochicoatlán, San Bartolo Tutotepec, Jacala de Ledezma, estado de Hidalgo y Pinal de amoles estado de Querétaro, para la colecta de ramas, hojas y conos con semilla, de donde se obtuvo tejido haploide y diploide para la extracción de ADN. Las extracciones de ADN genómico fueron enviadas a Oregon State University, para secuenciación paralela en un Illumina Hi-Seq. Las lecturas tipo "paired end" que se obtuvieron de *Pinus greggii* var. *australis* fueron procesadas utilizando el software Geneious 9.1.3. Se realizó el pareamiento de las lecturas, eliminación de lecturas duplicadas y filtración para aquellas menores a 50 pb. El ensamblaje de las lecturas se realizó utilizando como referencia el transcriptoma de *Pinus Taeda*. Se realizó la búsqueda de sitios segregantes en las secuencias de los individuos de *Pinus greggii* var. *australis*. Se utilizó seqPHASE2 y PHASE software para la obtención de las secuencias de haplotipos de los individuos. Para la estimación de diversidad nucleotídica (π) y haplotípica (h) de los 5 genes se utilizó Rstudio y la estimación de la estructura genética poblacional (F_{st}) se hizo en Genepop versión 4.2. Se obtuvieron índices de diversidad nucleotídica (π) para cada uno de los genes analizados y se observa que existe una alta diversidad nucleotídica para todos los genes. En general los valores de estructura poblacional (F_{st}) en las cuatro poblaciones estudiadas, muestran una moderada diferenciación genética en las poblaciones y por tanto si hay estructura genética.

(ID_1308)

Diversidad genética del género *Pinguicula* (Lentibulariaceae) en el estado de San Luis Potosí

Gabriela Salazar Saladino

Analizar la diversidad genética de especies del género *Pinguicula* en el estado de San Luis Potosí. Muestreo en campo, Procesamiento de material, Extracción de DNA, Amplificación de fragmentos de ADN por la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), Estandarización de técnicas moleculares para 6 marcadores de cloroplasto, Análisis filogenéticos de reconstrucción molecular en base a secuencias de una base de datos y registros fósiles, finalmente se realizó un análisis de diversidad genética con las secuencias obtenidas a partir de las regiones de cloroplasto. Se amplificaron cuatro marcadores de seis, se obtuvieron secuencias de una región para 9 especies, se realizó un árbol filogenético con las edades cronológicas para especies del género con distribución mundial, y finalmente se realizó una filogenia con especies del género de distribución en el estado. Se logró el objetivo específico de estandarizar los marcadores polimórficos adecuados y las técnicas moleculares para caracterizar genéticamente especies del género *Pinguicula* sp.; se obtuvo una datación en base a caracteres moleculares con la calibración de fósiles vegetales que ayudo a entender que la Sierra Madre Oriental tiene un potencial para la generación de especies.

(ID_1276)

Diversidad y estructura genética de *Quercus castanea* Née (Fagaceae) en las sierras del estado de Oaxaca, México

Alberto Esteban Pérez Pedraza, Wilfrido Ramírez Toro y Alberto Ken Oyama Nakagawa

Los patrones de diversidad y estructura genética de las poblaciones, son determinados por la interacción de varios factores ambientales y antropogénicos. El conocer la variabilidad genética para la conservación y el manejo de la biodiversidad es de gran importancia, ya que este es el principal recurso que tienen las especies para evolucionar y adaptarse a los cambios ambientales. Para obtener estos patrones de variabilidad genética, se utilizaron 10 pares de microsatélites nucleares de la serie QrGa de Aldrich et. al. 2002 y 2003 (para *Quercus rubra* y encinos rojos), estos marcadores resultan particularmente útiles para conocer la diversidad haplotípica, la estructura y el flujo genético, gracias a su elevada tasa de mutación, su co-dominancia y su herencia mendeliana simple. Los resultados muestran que las poblaciones de *Quercus castanea* del estado de Oaxaca, presentan un alto nivel de diversidad genética ($N= 119$, $N_a= 6.906$, $N_e= 5.087$, alelos privados 3, $H_o= 0.759$ $H_e= 0.781$), baja diferenciación genética entre poblaciones ($F_{st}= 0.03029$, $F_{is}= 0.095636$ y $F_{it}= 0.12303$) y altos valores de flujo génico ($N_m= 2.505$); el AMOVA nos muestra que la mayor parte de la variación se deposita dentro de las poblaciones (78 %), es decir, las poblaciones son bastante homogéneas entre sí. Este patrón pudiera ser explicado por la longevidad de la especie, puesto que es una especie de lento crecimiento y maduración, lo que pudiera estar reflejando una visión del flujo genético ancestral, el cual estaría siendo afectado a causa de la fragmentación. Otros factores de importancia es el alto índice de hibridación que se reporta para esta especie, a su mecanismo de polinización anemófila y al exocruzamiento.

(ID_640)

El espacio intergénico de cloroplasto psbA-trnH en la filogenia de Lauraceae

María E. Cruz-Maya y Lily X. Zelaya-Molina

El espacio intergénico psbA-trnH se ha utilizado ampliamente en estudios filogenéticos de varias familias de angiospermas, además de ser uno de los principales códigos de barras de ADN para la identificación de especies vegetales. Al analizar este espacio intergénico en miembros de la familia Lauraceae, se observó la presencia de dos zonas sujetas a inversiones frecuentes, que dificultan su uso en análisis filogenéticos, ya que sobreestiman el número de eventos de sustitución. En este estudio se evaluaron las implicaciones de las áreas de inversión en las relaciones filogenéticas de la familia Lauraceae, al analizar 115 secuencias de 31 géneros de la familia. Las secuencias analizadas del espacio intergénico psbA-trnH se obtuvieron de muestras colectadas en este estudio y de secuencias depositadas en el Genbank. Las secuencias se analizaron con el método de máxima parsimonia, considerando tanto las secuencias en bruto, como estandarizando las zonas de inversión en una única conformación. Los resultados ilustran que once géneros tienen dos configuraciones en la zona no traducida del extremo 3 de psbA, y cuatro de ellos también presentan dos configuraciones en la zona de inversión de la región intergénica no transcrita psbA-trnH. Los filogramas establecieron que las relaciones filogenéticas de los taxones están determinadas en gran medida por las configuraciones de ambas áreas de inversión; de tal manera que cuando los datos se analizan en condiciones en bruto los cladogramas no reflejan la verdadera ascendencia de la familia, en su lugar linajes relacionados están separados. La estandarización de las zonas de inversión en una única conformación disminuyó el índice homoplasia, y los filogramas mostraron una mejor resolución en las relaciones filogenéticas de la familia Lauraceae.

(ID_1413)



Hacia una estrategia de conservación de *Rhizophora mangle* en México: genética de poblaciones

Vania Jiménez-Lobato, Sabina Velázquez_Márquez, Mariel Ochoa Zavala, Pilar Suárez Montes, Jesús Torres García, Rosalinda Tapia López y Juan Núñez-Farfán

El objetivo del trabajo fue evaluar el estado genético de las poblaciones de *R. mangle* en México para proponer unidades genéticas prioritarias de protección/o restauración. Se analizaron 32 poblaciones representativas de las cinco regiones identificadas de manglar. Se estimaron los parámetros relativos a la estructura y diversidad genética de las poblaciones a partir del análisis de 12 loci microsatélites, así como la amplificación de genes de cloroplasto, nuclear y de mitocondria. Se encontró una alta estructuración genética entre las poblaciones localizadas en las costas del Pacífico y del Atlántico, así como dentro de cada costa, coincidiendo con la historia biogeográfica de la especie. La mayor diversidad genética se registró en la región Pacífico Sur y Península de Yucatán mientras que la menor fue en Pacífico Norte. La región Pacífico Norte presentó los menores tamaños poblacionales y mayores niveles de endogamia, mientras que lo contrario ocurrió en la región Pacífico Sur. En ambas costas se detectaron patrones de aislamiento por distancia. La presencia de alelos privados en ambas costas así como los distintos patrones de diferenciación genética y flujo génico dentro de cada una, hacen suponer una historia evolutiva independiente entre ellas, y entre regiones. Cada región podría considerarse una unidad de manejo, siendo la región Pacífico Norte la más vulnerable mientras que las Regiones Pacífico Sur y Península de Yucatán las regiones más para conservar. La región Pacífico Centro es crucial para el mantenimiento del flujo genético en la Costa del Pacífico.

(ID_1352)

Números cromosómicos y contenido de ADN nuclear en *Echeveria*

Guadalupe Palomino Hasbach, V. Cepeda-Cornejo, H. Correa, J. Reyes Santiago y A. Islas Luna

Echeveria es endémica del continente americano con 154 especies y en México se presentan 130. Estas plantas son perennes con hojas en roseta y son muy valoradas en horticultura. Esta investigación informa del tamaño del genoma (picogramos) y el $2n$ en especies de *Echeveria* de la Serie Gibbiflorae, con la finalidad de producir híbridos nuevos con potencial hortícola y características resistentes a condiciones extremas, idóneas para su aprovechamiento comercial. El contenido de ADN se obtuvo en un citómetro de flujo CY-FLOW Partec. Los núcleos del parénquima foliar de especies de *Echeveria* fueron mezclados con núcleos de *Solanum lycopersicum* o *Pisum sativum*, utilizados como plantas de referencia y se tiñeron con yoduro de propidio. El análisis de los cromosomas se realizó en meristemos radiculares tratados con 8-Hidroxiquinoleína y los cromosomas se tiñeron con Feulgen. Las especies de crasuláceas son muy diversas citológicamente. *Echeveria* presenta más de 50 números cromosómicos gaméticos $n=12$ a 34 . El número básico $x=27$ es el observado en especies de *Echeveria*, Serie Gibbiflorae. *Echeveria magnifica* fue diploide con $2n=2x=54$ y tamaño de genoma = 1.5 pg. *Echeveria longiflora* es hexaploide con $2n=6x=162$ cromosomas y tamaño de genoma = 2.6 pg. *Echeveria novogaliciana* es hexaploide-aneuploide $2n=6x=162+14=176$ cromosomas, probablemente de origen híbrido y tamaño de genoma = 6.0 pg. *Echeveria dactylifera* y *Echeveria cupreata* fueron tetraploides con $2n=4x=108$ cromosomas. Se informa que durante su evolución se han formado híbridos con especies cercanas. Estos análisis son básicos para investigaciones en Sistemática, Biotecnología y Conservación de estas especies.

(ID_754)

Redes de regulación genética en el estudio de la diferenciación celular plástica de las hojas de *Arabidopsis thaliana*

Andrea Domínguez, Mariana Benítez, Jan Hejátko y Luis Mendoza

La formación de patrones de tricomas en la epidermis de hoja de *Arabidopsis thaliana* representa un buen modelo para estudiar la diferenciación celular y la formación de patrones. Los modelos dinámicos de redes de regulación genética y la evidencia experimental sugieren que la formación de patrones en este sistema es sensible a una gran variedad de señales y procesos a diferentes niveles. Por ejemplo, se ha observado que en la epidermis de hoja, las hormonas vegetales giberelinas y citoquininas promueven el desarrollo de los tricomas, lo cual puede ocasionar cambios en la densidad y el patrón de distribución de éstos durante el desarrollo de la planta. Además, se ha visto que diversas señales ambientales, como el estrés y la herbivoría, también pueden causar cambios en la distribución y densidad de los tricomas. En este trabajo nos propusimos integrar en un modelo matemático algunos de los mecanismos genéticos y hormonales asociados a los cambios observados en la generación del patrón de tricomas en respuesta a diferentes estímulos ambientales. Incluimos la señalización y las interacciones de algunas vías hormonales y señales ambientales como estrés y herbivoría dentro de la red de regulación de determinación de tricomas en las hojas de *Arabidopsis*. Los resultados obtenidos en este trabajo reproducen los perfiles de expresión de los genes de la red de regulación genética asociada a la determinación de tricomas en la epidermis de hoja. Además reproducen los fenotipos de líneas mutantes y el efecto de tratamientos hormonales en la modificación del patrón de tricomas. Por otra parte, diseñamos un experimento de tratamientos con citoquininas y giberelinas, cuyo efecto combinado en el fenotipo de tricomas no ha sido reportado. Los resultados experimentales se compararon con los resultados de las simulaciones. Esto, con el fin de validar el modelo y de proponer nuevas interacciones entre los elementos de la red. Los resultados de este trabajo pueden aportar a entender el papel de la plasticidad fenotípica en el desarrollo y el origen de la variación fenotípica, contribuyendo en este sentido al programa de investigación de la ecología evolutiva del desarrollo.

(ID_729)

Variabilidad y estructura genética de poblaciones de mangle negro (*Avicennia germinans*) en hábitats fragmentados en las costas de México

Lourdes Martínez García y Juan Núñez-Farfán

Los manglares son ecosistemas reconocidos mundialmente por su importancia tanto biológica como económica, por lo que es necesario promover su conservación. Sin embargo, las actividades antropogénicas han generado una fragmentación que modifica el funcionamiento y estructura de estos ecosistemas. Este proceso es la causa principal de pérdida de biodiversidad y disminución del tamaño efectivo de las poblaciones, lo que promueve la pérdida de la variabilidad genética por efecto de la endogamia y deriva génica. El objetivo de este estudio fue determinar las consecuencias de la fragmentación del hábitat en la variabilidad y estructura genética de poblaciones de plántulas de *Avicennia germinans* distribuidas en diferentes costas de México. En total se muestrearon 240 individuos de ocho poblaciones, a lo largo de la costa del Océano Pacífico, Golfo de México y Mar Caribe, y se amplificaron 18 microsatélites específicos para cada individuo. Se encontró alta heterocigosidad en todas las poblaciones de *A. germinans*. Sin embargo, hubo diferencias en la riqueza alélica entre las costas del Océano Pacífico y Atlántico. En todas las poblaciones se detectó deficiencia heterocigos, indicando altos niveles de endogamia (FIS). La diferenciación genética entre poblaciones fue significativa, y hubo una correlación positiva entre la distancia genética y geográfica ($R^2 = 0.578$, $p = 0.020$) de las poblaciones. Se detectó un “cuello de botella” poblacional además del efecto de la deriva génica y la endogamia, como factores decisivos en la distribución de la variación genética. La extensión, el impacto antropogénico e historia particular de cada población, son factores influyentes en la dinámica poblacional de cada una de ellas. Es necesario implementar programas de conservación y manejo para garantizar el mantenimiento de la variación genética de la especie y reducir la posibilidad de extinción.

(ID_831)