

Informe final* del Proyecto KE008

Análisis de la estructura y diversidad genética de manglares representativos de México*

Responsable: Dr. Juan Núñez Farfán
Institución: Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México
Dirección: Circuito exterior s/n, junto al Jardín Botánico, Ciudad Universitaria, Coyoacán, Código Postal 04510, Distrito Federal, México
Correo electrónico: farfan@unam.mx
Teléfono: 55 5622 9005
Fecha de inicio: 15 de Octubre de 2013
Fecha de término: 16 de Abril de 2021
Principales resultados: Informe final, Cartografía.
Forma de citar el informe final y otros resultados:** Núñez-Farfán J., Ochoa-Zavala M., Velázquez-Márquez S., Jiménez-Lobato V., Martínez-García L., Tapia-López R., Piñero D., Kajita T., Osorio-Olvera L., Olivares-Pinto U., Suárez-Montes P. y Torrez-García J. 2020. Análisis de la estructura y diversidad genética de manglares representativos de México. Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Ecología. Informe final SNIB-CONABIO, Proyecto No. KE008. Ciudad de México.

Resumen:

La variabilidad genética es un atributo de las poblaciones naturales, fundamental para el cambio evolutivo (Charlesworth y Charlesworth 2010). Hoy día debemos poner mayor énfasis al estudio y caracterización de la variabilidad genética de las especies si se quieren tomar medidas que aseguren su conservación y permitan la evolución contemporánea y adaptación a las condiciones ambientales cambiantes (Stockwell *et al.* 2003), muchas de ellas producto de las actividades humanas. Por su importancia en la evolución y sustentabilidad de las poblaciones, el análisis de la diversidad genética desde el nivel de especie hasta el de ecosistema, deberá recibir mayor atención en el futuro cercano en la comunidad dedicada al estudio de la biodiversidad (Yahara *et al.* 2010). El presente proyecto analizará la diversidad y estructura genética de las dos especies arbóreas más importantes de los manglares mexicanos, *Rhizophora mangle* (Rhizophoraceae) y *Avicennia germinans* (Avicenniaceae) a lo largo de las costas de México en el océano Pacífico, Golfo de México y Mar Caribe. México se destaca a nivel mundial por poseer una gran superficie de manglar prácticamente a lo largo de todas sus costas. Aunque algunos sitios poseen un grado de conservación adecuado, es innegable que la presión que este ecosistema enfrenta, por diversas razones, está ligada a las actividades humanas. Prácticamente no existe ecosistema de manglar en México sujeto a perturbación, reducción de su área y riesgo de extinción. Por ello, es relevante enfocar nuestros objetivos a su conocimiento y conservación. Cualquier esfuerzo para conservar la biodiversidad debe partir de su cuantificación en el nivel más elemental, la diversidad genética. Los avances en la biotecnología, el incremento en capacidad computacional, el desarrollo de tecnología asociada a la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), nos permiten el análisis de diversos marcadores moleculares (Sahu y Kathiresan 2012), desde aquellos adaptativamente neutrales, hasta el análisis de *loci* (fragmentos) asociados con la adaptación local de las poblaciones. El estudio genético se realizará empleando marcadores moleculares biparentales (DNA microsátélites, AFLPs) y de herencia materna (DNA de cloroplasto y mitocondria) que permitirán obtener diagnósticos robustos de la diversidad genética, flujo génico y relaciones filogenéticas entre las poblaciones. Se han seleccionado 28 ecosistemas de manglar de entre los 81 sitios identificados por la CONABIO de relevancia biológica y de rehabilitación ecológica. Este estudio será el más extenso realizado en los ecosistemas de manglar del país desde el punto de vista genético (tipo y número de marcadores), rango geográfico y número de poblaciones. Complementará la información ya disponible en otros ecosistemas mexicanos, sin embargo, aportará información novedosa y robusta sobre la diversidad genética de los ecosistemas. Se determinarán los sitios con valor más alto por su diversidad genética, y aquellos que se encuentran empobrecidos y que pueden ser sujetos de restauración genética. También se obtendrán las relaciones evolutivas entre los distintos ecosistemas de manglar y se determinarán sus tamaños poblacionales ancestrales. A través de la información obtenida se podrán proponer zonas prioritarias para la conservación de los ecosistemas de manglar en México desde el punto de vista genético y adaptativo.

-
- * El presente documento no necesariamente contiene los principales resultados del proyecto correspondiente o la descripción de los mismos. Los proyectos apoyados por la CONABIO así como información adicional sobre ellos, pueden consultarse en www.conabio.gob.mx
 - ** El usuario tiene la obligación, de conformidad con el artículo 57 de la LFDA, de citar a los autores de obras individuales, así como a los compiladores. De manera que deberán citarse todos los responsables de los proyectos, que proveyeron datos, así como a la CONABIO como depositaria, compiladora y proveedora de la información. En su caso, el usuario deberá obtener del proveedor la información complementaria sobre la autoría específica de los datos.