



**a) Nombre de la consultoría: Establecimiento de un programa de manejo genético para las especies *Dermatemys mawii* (tortuga blanca) y *Trachemys venusta* (tortuga hicotea) en Unidades de Manejo de Vida Silvestre (UMA) para favorecer el flujo genético y la conectividad del Corredor Biológico Mesoamericano en Tabasco**

**INFORME FINAL: Plan de manejo genético para *Dermatemys mawii* en tres UMAs del estado de Tabasco.**

Número de contrato: NE017

Nombre del consultor: UNIVERSIDAD JUÁREZ AUTÓNOMA DE TABASCO (UJAT)

Investigadora responsable: Dra. Julia María Lesher Gordillo. División Académica de Ciencias Biológicas. UJAT



## Introducción

*Dermatemys mawii* o tortuga blanca, es la última representante de la familia Dermatemydidae, la cual se remonta a 65 millones de años. La especie alcanza 65 cm y puede pesar hasta 22 kg. Los machos se distinguen por sus cabezas de color amarillo dorado. *Dermatemys mawii* es enteramente acuática, habitando ríos, lagunas y otros grandes humedales en el sur México, Guatemala y Belice. *Dermatemys mawii* es una especie críptica, es enteramente acuática y prefiere las aguas limpias, es estrictamente herbívora, consume vegetación de litoral (hierbas, hojas), frutos caídos y detritos. Las hembras ponen múltiples nidadas de huevos por año en la orilla del agua; los huevos permanecen bajo el agua durante la temporada de lluvias, iniciando el desarrollo cuando el nivel del agua baja. Este periodo de diapausa embrionaria o dormancia puede explicar el amplio rango de incubación de (115–223 días) reportados bajo condiciones de cautiverio.

*Dermatemys mawii* ha sido exitosamente reproducida en cautiverio en Unidades de conservación de vida silvestre (UMA). En Tabasco se encuentran las poblaciones cautivas más grandes de México. Sin embargo, a pesar del éxito de la cría y reproducción en cautiverio, es importante considerar los aspectos de diversidad, estructura genética y parentesco para evitar depresión por endogamia en las poblaciones cautivas. Para cumplir con este objetivo, es necesario realizar un manejo genético, el cual parte cuando se logra determinar la variabilidad genética y la relación de parentesco de los individuos fundadores. Estos dos datos son importantes para proponer las cruzas adecuadas que permitan la reducción de la endogamia en las generaciones nacidas en cautividad y al mismo tiempo aseguran que los nuevos individuos tengan una adecuada diversidad genética. Es importante mencionar que una adecuada diversidad genética es crucial sobre todo cuando los objetivos de la crianza y reproducción en cautiverio son la conservación de la especie y el repoblamiento en vida libre.

Los programas enfocados a la recuperación de especies en peligro de extinción o en algún grado de amenaza, deberían tener entre sus objetivos preservar la diversidad genética de estas poblaciones, para mantener el potencial de adaptación de la población a los cambios ambientales y que amortigüen los efectos de eventos estocásticos catastróficos y pandemias. Los cambios ambientales futuros y la presión selectiva son difíciles de predecir, por lo que mantener una diversidad



genética significativa es importante para asegurar que las poblaciones no se extingan. A una menor variación genética, la selección natural opera más lento, lo cual tiene consecuencias negativas para la adaptación futura de las poblaciones.

Entre las principales medidas usadas para cuantificar la diversidad genética en una población, se encuentran: 1) La diversidad alélica, que describe el número de alelos presentes por cada locus 2) La Heterocigocidad observada ( $H_o$ ), que es la proporción de individuos heterocigotos en una población. El marcador molecular más aplicable para medir la diversidad y el flujo genético entre poblaciones son los microsatélites.

Una situación que se produce en las poblaciones cautivas y que debe evitarse es la endogamia. La cual se define como el apareamiento entre individuos emparentados. El nivel de endogamia se determina por el coeficiente de endogamia  $F$ , la cual es la probabilidad de que los descendientes compartan los mismos alelos que los padres. La endogamia también incrementa el nivel de homocigosidad que es cuando se presentan un par de alelos idénticos en un locus, lo cual disminuye la variabilidad genética y por ende la capacidad adaptativa de la población. Además el incremento en la homocigosidad, incrementa a su vez la expresión de alelos deletéreos (dañinos), que en poblaciones grandes se enmascaran, causando una reducción del fitness (adaptación y reproducción).

Teniendo en cuenta la importancia del manejo genético con especies reproducidas en cautiverio, realizamos el siguiente plan para manejar genéticamente a los individuos fundadores de tres UMAs dedicadas a la reproducción de la tortuga blanca (*D. mawii*) en el estado de Tabasco. Las UMAs que se incluyen en el presente plan de manejo genético son: 1) La UMA "La Encantada", localizada en Jalpa de Méndez, a 3 km de la cabecera municipal y 27.5 km de Villahermosa, Tabasco, con coordenadas. Esta UMA fue creada en 2002 y representa la segunda UMA en tamaño de tortugas dulceacuícolas en Tabasco. 2) La UMA de tortugas del estado de Tabasco, está UMA está localizada en Nacajuca, Tabasco. Fue creada en 1978, sus objetivos son la reproducción, investigación, educación y conservación de siete especies de tortugas dulceacuícolas (incluyendo *D. mawii*). También, entre las funciones importante que realiza esta UMA es la donación de pies de cría que servirán como organismos fundadores de las nuevas UMAs. Esta UMA tiene la población cautiva más grande de *D. mawii* en México (> 800 individuos reportados en 2006). 3) La UMA CICEA de la Universidad



Juárez Autónoma de Tabasco, localizada en Villahermosa, Tabasco. Esta UMA fue creada in 2011, tiene como objetivos la reproducción, investigación y conservación de tortugas dulceacuícolas nativas.

La realización del plan de manejo genético se llevó acabo integrando los resultados de tres objetivos: 1) Determinamos la diversidad genética y estructura genética de los individuos fundadores. 2) Comparamos la diversidad y estructura genética de los individuos fundadores con individuos procedentes de vida silvestre. 3) Establecimos las relaciones de parentesco entre los individuos fundadores analizando el parentesco por UMA y entre UMAs para identificar las mejores cruzas que permitan mantener la variabilidad genética de la especie en cautiverio.

Cabe aclarar que la diversidad genética se estima a partir de los índices  $N_a$ = número de alelos diferentes;  $N_E$ =número efectivo de alelos;  $H_o$ = Heterocigosidad observada y  $H_E$ = Heterocigosidad esperada.

**La estructura genética comprende el índice de  $F_{ST}$ , que determina la distancia genética entre poblaciones.** La determinación de genotipos con el método  $\Delta K$ .

De igual forma, proponemos estrategias y acciones complementarias a los resultados encontrados que son necesarias para mejorar la crianza en cautiverio de *Dermatemys mawii*.



## **Procedimiento para realizar un manejo genético continuo en la especie *Dermatemys mawii*.**

Después de analizar los resultados obtenidos, se observó que los individuos fundadores de la UMA del Estado de Tabasco y la UMA del CICEA se encuentran muy emparentados, por lo que el establecer un plan de manejo genético de manera particular para estos sitios es complicado. Por otro lado la UMA "La Encantada" presenta mayor diversidad genética, con mayor número de genotipos representados y menor relación genética (parentesco) entre sus individuos.

Por lo tanto, para fines de mantener la diversidad genética en *Dermatemys mawii* en cautiverio, recomendamos como primer paso crear dos colonias con diferente finalidad: 1) La primera colonia en la que consideramos a todos los individuos fundadores de las UMAs estudiadas, estará formada los individuos por los que presentan mejor heterocigosidad, bajos índices de relación genética (parentesco), estará destinada a la conservación y repoblación. Una sola colonia por todas UMAs. Se recomienda la UMA CICEA como resguardo. 2) La segunda colonia, estará formada por individuos que presentan mayor homocigosidad y pueden presentar parentesco. Esta colonia se puede crear de forma particular en cada UMA. Recomendamos también enriquecer el pool genético de la colonia destinada a la conservación y liberación, con individuos silvestres que procedan de las zonas Tabasquillo y Laguna del Chochal ya que estas presentan mayor diversidad genética, así con individuos decomisados por PROFEPA previamente genotipificados.

Los criterios de selección que deben de utilizarse para la selección de individuos destinados a la conservación, baja relación genética (parentesco), altos índices de heterocigosidad ( $HL \leq 0.4$ ). De cada nidada deben genotipificarse al menos el 30% de los individuos que la integran, una vez que alcanzan una talla adecuada, aproximadamente a los 18 meses. Con el fin de mantener la diversidad. Los descendientes se deben de separar de los progenitores antes de alcanzar la edad reproductiva y colocarse en estanques separados, para disminuir el apareamiento entre individuos genéticamente relacionados.

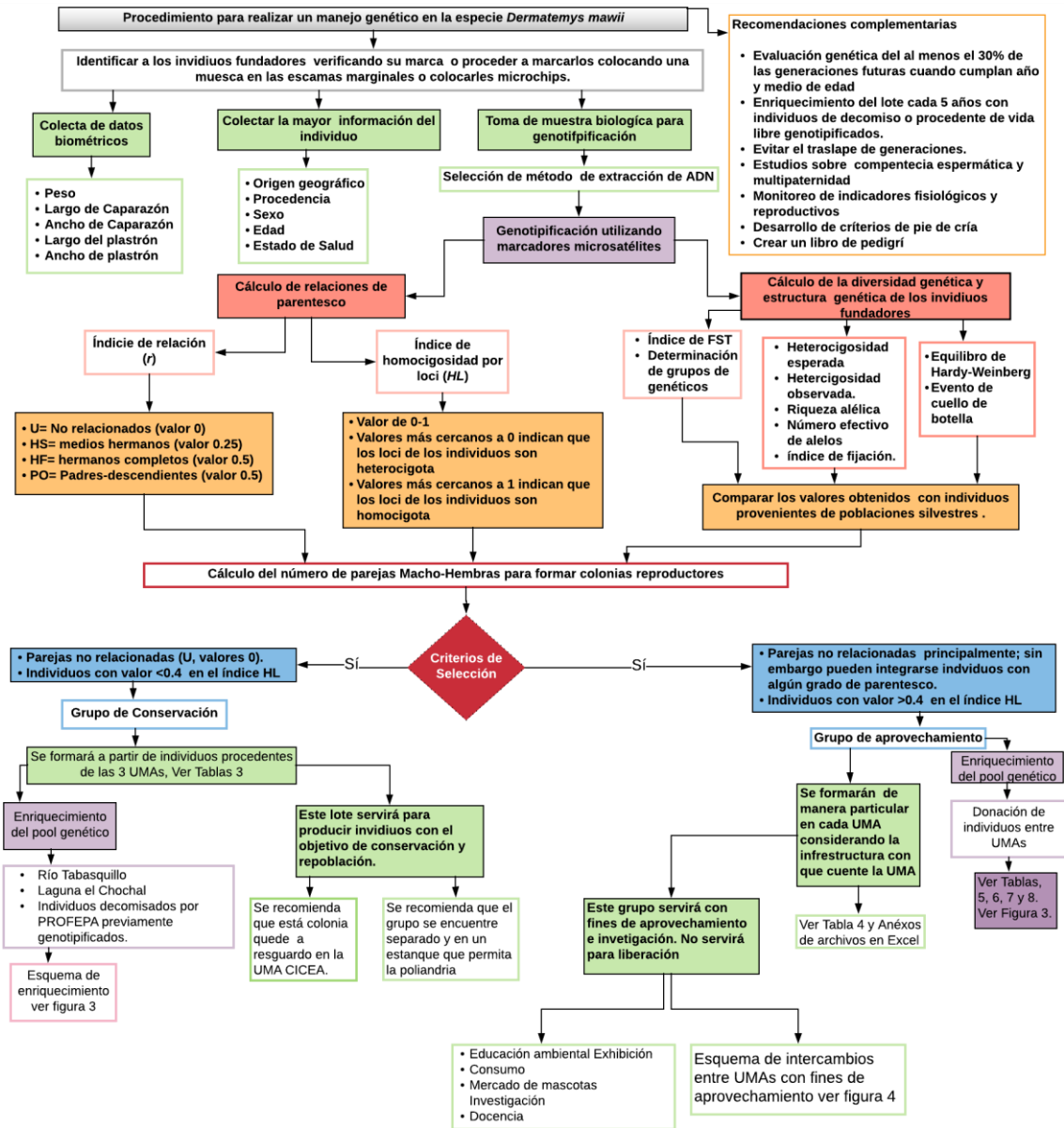
Para las colonias destinadas al aprovechamiento, pueden destinarse individuos emparentados, y con menor heterocigosidad, sin embargo, monitoreando cada tres generaciones, determinando los índices de diversidad y estructura genética para evitar una población altamente



endogámica que puede estar en riesgo ante un evento catastrófico como zoonosis y cambios ambientales drásticos. Los individuos generados en estas colonias, no se recomiendan para liberación. Sin embargo pueden utilizarse para educación ambiental, exhibición, consumo, mercado de mascotas, investigación y docencia entre otros.



## Diagrama de flujo del procedimiento para realizar un manejo genético continuo en la especie *Dermatemys mawii*





## Resultados de la diversidad genética y estructura genética en UMAs

Se analizaron un total de 117 individuos fundadores de los cuales, 67 pertenecen a la UMA "La Encantada", 28 a la UMA del estado de Tabasco y 22 a la UMA CICEA. El número de alelos diferentes considerando todos los individuos fundadores fue de 8.2. De manera particular la UMA La encantada tuvo el mayor número de alelos diferentes con 8 seguido de la UMA del estado de Tabasco donde se detectaron 5.1 alelos diferente y por último la UMA CICEA la cual tuvo solo 3.8 alelos diferentes. En cuanto a los valores de los indicadores más importantes de la diversidad genética: de la Heterocigocidad observada ( $H_O$ ) y Heterocigocidad esperada ( $H_E$ ); los valores más elevado se presentó en la UMA "La Encantada" ( $H_O=0.557$ ;  $H_E=0.786$ ) y los valores menores se obtuvo en la UMA CICEA ( $H_O=0.304$ ;  $H_E=0.501$ ). Los valores más detallados de diversidad genética se pueden observar en la Tabla 1. De acuerdo con los resultados, la diversidad de los individuos fundadores es de moderada, sobre todo en las UMAs "La Encantada" y la UMA del estado de Tabasco.

En cuanto a la estructura genética, encontramos que existe una diferenciación genética de moderada a baja. Los valores pareados del índice de  $F_{ST}$  nos indican que las UMAs más parecidas genéticamente son "La Encantada" con la UMA del estado de Tabasco. De igual forma existe una similitud genética entre la UMA CICEA y la UMA del estado de Tabasco (Tabla 2). Se detectó tres grupos genéticos principales. Las UMAs del estado de Tabasco y "La Encantada" muestran los tres grupos genéticos principales (Figura 1). La estructura genética encontrada es probable que se deba a las donaciones de los lotes reproductores por parte de la UMA del estado de Tabasco a las otras dos UMAs.

Por otro lado, los valores más altos de diferenciación genética entre poblaciones cautivas se presentaron entre la UMA de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (CICEA) y la UMA "La Encantada". Esto puede explicar, por los siguientes motivos: Cuando se funda una UMA de tortugas en Tabasco, el pie de cría procede de la UMA de tortugas del estado de Tabasco. Para esto se destina un lote completo de individuos obtenidos a partir de una misma fecha de nidada. Este procedimiento incrementa la posibilidad de donar individuos altamente emparentados (hermanos completos, medios hermanos), lo que se traduce en el incremento del riesgo de endogamia en las generaciones siguientes de la nueva UMA.





Aunque en las dos UMAs su pie de cría procede de la misma población cautiva, La UMA "La Encantada" se fundó en el año 2001, y la UMA CICEA 10 años después, por lo que hay al menos 10 generaciones de diferencia entre los dos lotes reproductores y la diversidad genética de los pies de cría puede ser diferente. Además, la UMA "La Encantada" recibe gran parte de los decomisos realizados por PROFEPA, lo que esto influye en la estructura genética de la población.



## **Resultados de la comparación de la diversidad genética y estructura genética entre UMAs y poblaciones silvestres.**

Los parámetros de Diversidad Genética: Número promedio de alelos ( $N_a$ ), Heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y Heterocigosidad esperada ( $H_E$ ), fueron ligeramente más altos para las UMAs que para las poblaciones silvestres. Las UMAs presentaron  $N_a$  de 8.2 y las poblaciones silvestres de 7.5. La UMA que presentó un valor mayor en  $N_a$  fue la UMA "La Encantada" con un valor promedio de 8 y la población silvestre que presentó valor promedio mayor de  $N_a$  fue la población de Tabasquillo 4.083. Los valores globales de Heterocigosidad esperada  $H_E$  para las UMAs fueron significativamente más altos (0.613), que los de las poblaciones silvestres (0.527). No se encontró diferencia significativa en los valores de  $H_E$  entre las poblaciones silvestres, mientras que se observó una diferencia significativa entre las UMAs, en el que la UMA de "La Encantada" presenta el valor más elevado (0.786). El coeficiente de endogamia (F) fue más alto para las poblaciones silvestres (0.451), que para las UMAs (0.414), y casi todas las pruebas de Equilibrio de Hardy-Weinberg para HWE para deficiencia de heterocigotos fueron ( $P < 0.001$ ). Así también se detectó un evento de cuello de botella para las poblaciones del río Mezcalapa y la UMA "La Encantada". Las UMA mostraron una mayor  $H_o$  global de 0.406 en comparación con las poblaciones silvestres donde se obtuvo una  $H_o$  de 0.387. Podemos decir en cuanto a los valores globales, las UMA y las poblaciones silvestres de *D. mawii* muestran un valor de moderado a bajo de variabilidad genética. El valor mayor en las poblaciones de las UMA puede deberse a que en el momento de la formación de estas los valores de  $H_o$  y la diversidad genética eran mayores a los actuales (ya que los individuos fundadores provienen de vida silvestre), lo cual nos puede indicar una pérdida en la diversidad genética en las poblaciones de vida libre actuales como consecuencia de la pérdida de alelos, provocada por la disminución de las poblaciones, sea por la caza o por la pérdida de hábitat de esta especie.

Así también tanto las poblaciones silvestres como las cautivas presentan fijación de alelos, la causa principal de fijación de alelos en poblaciones de vida libre es la pérdida de flujo genético entre poblaciones, debido al aislamiento ya sea por la presencia de barreras tanto geográficas como artificiales, fragmentación del hábitat, que impida a los individuos de las poblaciones estar en contacto, esta baja de flujo genético también puede deberse a la reducción del número de individuos dentro de las poblaciones, lo que puede causar aislamiento, endogamia y fijación de



alelos propios, llegando a diferenciar genéticamente las poblaciones, inclusive a presentar comportamientos diferentes. En las poblaciones cautivas la fijación de alelos es un producido del aislamiento físico y a que se reproducirán únicamente aquellos alelos aportados por los organismos fundadores. Lo que está provocando que las poblaciones cautivas y las silvestres se estén distanciando genéticamente.

En cuanto a la estructura genética, en las poblaciones evaluadas se observó una diferenciación genética moderada, estimada por medio del valor de  $F_{ST}$  que fue de 0.131. En las poblaciones de vida libre la mayor distancia genética se encontró entre la Laguna del Chochal y el río Mezcalapa ( $F_{ST}=.0380$ ), con una diferenciación moderada entre estas poblaciones. Esto se debe a que el río Mezcalapa se encuentra en una zona más perturbada, en la que se presenta pérdida de hábitat, contaminación del agua, los caudales han sido más afectados por la construcción de las presas y la Laguna del Chochal está dentro del sistema de amortiguamiento de la Reserva de la Biosfera Pantanos de Centra y recibe afluentes del sistema de Laguna de Términos.

En cuanto a la detección de grupos genéticos, encontramos que los individuos fundadores de las UMAs se separaron de las poblaciones silvestres (Figura 2). Esta separación puede ser explicada por (1) Los organismos fundadores de la UMA de tortugas del estado de Tabasco tienen su origen en un solo sitio; estos fueron capturadas como adultos en el río Salinas, un río que hace frontera entre México y Guatemala. En estudios previos al evaluar esta población a partir de ADN mitocondrial ADNmt encontró que alberga un linaje genético diferente. (2) Debido a que la población de la UMA de tortugas del estado se reprodujo a partir de este linaje, los descendientes presentaran el genotipo presentado por la población fundadora y (3) como está proporcionando el pie de cría para la formación de las nuevas UMAs, los linajes están siendo diferentes entre las poblaciones cautivas y las de vida libre. Dado este resultado obtenido, se recomienda enriquecer el material genético de las UMAs con individuos de vida libre especialmente de la población de Tabasquillo que es la que presenta una mayor diversidad genética y en la que están representados todos los grupos genéticos.



Tabla 1. Valores de Diversidad Genética para UMAS y poblaciones silvestres de *Dermatemys mawii*.

	UMAS				Poblaciones silvestres			
	LE	GET	CICEA	Global	TAB	MEZ	CHO	Global
<b>n</b>	67	28	22	117	37	8	23	68
<b>Na</b>	8.0	5.1	3.8	8.2	6.4	2.0	4.0	7.5
<b>Ne</b>	5.245	3.052	2.565	5.138	4.083	1.673	2.806	4.926
<b>Ho</b>	0.557	0.358	0.304	0.406	0.496	0.158	0.346	0.387
<b>He</b>	0.786	0.551	0.501	0.613	0.746	0.310	0.545	0.527
<b>F</b>	0.314	0.343	0.360	0.414	0.330	0.479	0.368	0.451
<b>P<sub>HWE</sub></b>	***	***	***	***	***	***	***	***
<b>P<sub>TPM</sub></b>	**	ns	ns	ns	ns	**	ns	*
<b>P<sub>SMM</sub></b>	**	ns	ns	ns	ns	**	ns	*

n=número de individuos; Na= número de alelos diferentes;  $N_E$ =número efectivo de alelos;  $H_O$ = Heterocigosidad observada;  $H_E$ = Heterocigosidad esperada; F= coeficiente de endogamia; PHWE= equilibrio de Hardy-Weinberg; PTPM y PSMM: probabilidad de un evento de cuello de botella. Llaves: ns=no significativo, \*  $P<0.05$ , \*\*  $P<0.01$ , \*\*\*  $P<0.001$ . Simbología; UMAS= LE: "La Encantada"; GED: UMA del estado de Tabasco, CICEA= CICEA-UJAT. Poblaciones silvestres= TAB: Tabasquillo; MEZ: río Mezcalapa; CHO: Laguna el Chochal.



Tabla 2.- $F_{ST}$  pareadas para todas las poblaciones considerando UMAs y poblaciones silvestres de *Dermatemys mawii*

		UMAS			Poblaciones Silvestres		
		LE	GET	CICEA	TAB	MEZ	CHO
UMAS	LE	-	0.072	<b>0.113</b>	0.077	<b>0.228</b>	0.152
	GDT	0.085	-	0.111	0.103	<b>0.302</b>	0.223
	CICEA	<b>0.127</b>	0.124	-	0.128	<b>0.315</b>	0.302
Poblaciones Silvestres	TAB	0.088	0.096	0.131	-	0.247	0.162
	MEZ	<b>0.218</b>	<b>0.289</b>	<b>0.319</b>	0.229	-	<b>0.380</b>
	CHO	0.168	0.236	0.324	0.176	<b>0.370</b>	-

Los valores bajo la diagonal gris son los valores  $F_{ST}$  sin el método de ajuste ENA y los valores arriba de la diagonal gris incluyen el método de ajuste ENA. Valores de 0-0.05 indican poca diferenciación genética, valores de 0.05-0.25 indican moderada diferenciación genética y valores > a 0.5 indican alta diferenciación genética. Los valores en negrita indican donde existió mayor diferenciación genética entre las poblaciones que se comparan. Simbología; UMA= LE: "La Encantada"; GET: estado de Tabasco, CICEA= CICEA-UJAT. Poblaciones silvestres= TAB: Tabasquillo; MEZ: río Mezcalapa; CHO: Laguna el Chochal.

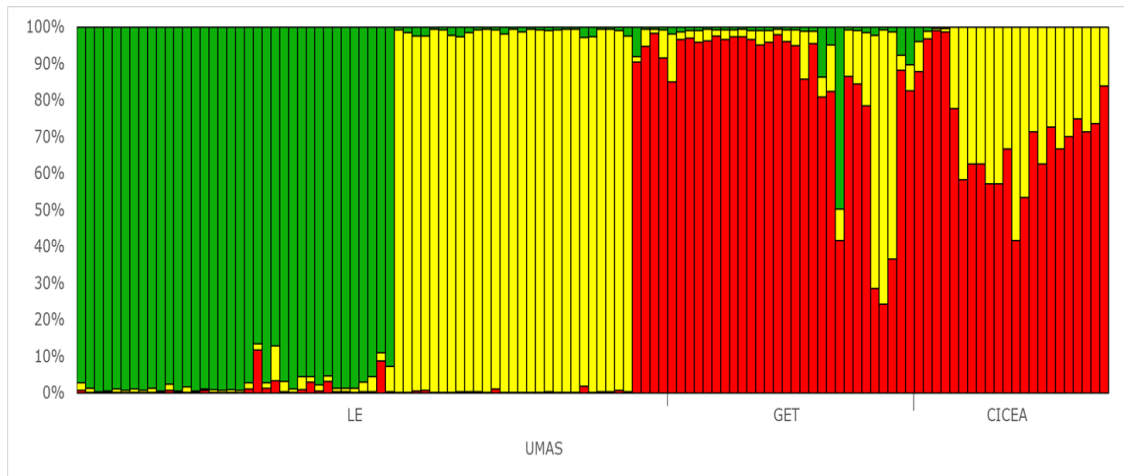


Figura 1. Gráfico Structure entre UMAs de *Dermatemys mawii* donde se puede observar 3 grupos genéticos bien definidos. UMAs: LE: UMA "La Encantada"; GET: UMA del estado de Tabasco; CICEA: UMA CICEA.

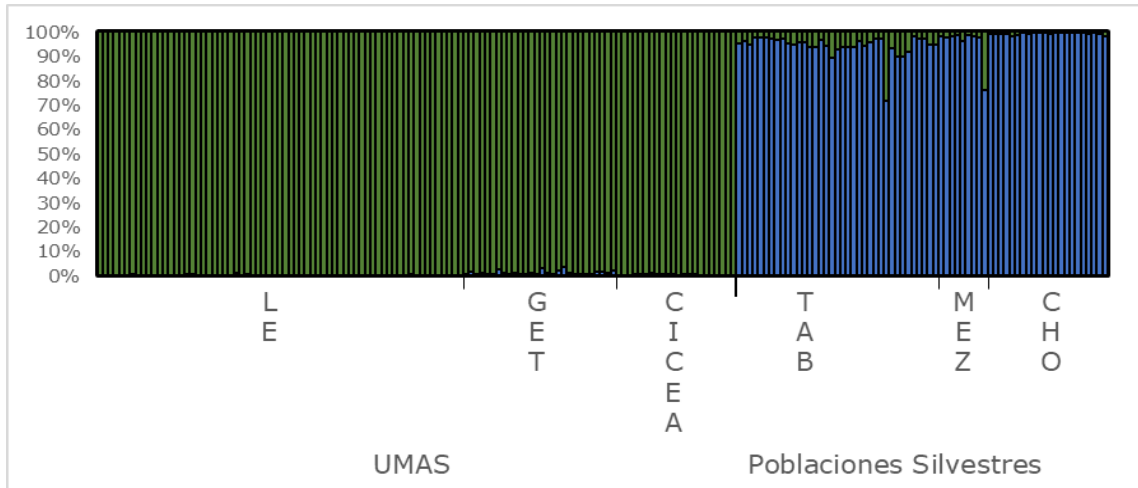


Figura 2. Gráfico Structure entre UMAs y poblaciones silvestres de *Dermatemyx mawii* donde se puede observar 2 grupos genéticos bien definidos. UMAs: LE: UMA "La Encantada"; GET: UMA del estado de Tabasco; CICEA: UMA CICEA. Poblaciones silvestres: CENT: Centla; MEZ: río Mezcalapa; CHO: Laguna el Chochal.



## **Resultados del análisis de parentesco hembra-macho de *D. mawii* en UMAs para realizar el plan de manejo genético.**

De acuerdo con el coeficiente de relación ( $r$ ) se encontró que algunos individuos fundadores tienen relaciones de parentesco. Usando el coeficiente de relación determinamos la proporción de cada relación hembra-macho en el pedigrí: padres-hijos, hermanos completos, medios hermanos y sin relación basándonos en los criterios siguientes: valores  $\leq 0$  se consideran no relacionados, valores  $\leq 0.25$  son considerados medios hermanos, y los valores  $> 0.25$  se consideran hermanos completos o padres-hijos sin distinción. De igual forma, varias parejas dentro de las UMAs mostraron un alto valor en el índice de Homocigosidad por loci ( $HL \geq 0.4$ ), lo que indicaba que varios individuos eran homocigotos para los alelos que expresan.

De tal manera, encontramos que entre todas las UMAs, se pueden formar un total 2430 parejas, de las cuales de acuerdo solo 2048 parejas no están relacionadas. Al considerar solo las parejas que se pueden formar en cada UMA, se observó que la UMA "La Encantada" puede formar 522 parejas de las cuales 406 no se encuentran relacionadas; la UMA del estado de Tabasco puede formar 192 de las cuales solo 117 no se encuentran relacionadas y la UMA CICEA puede formar 96 parejas de las cuales 46 no están relacionadas.

Como detectamos que varias parejas dentro de las UMAs mostraban un alto valor en el índice de  $HL$  ( $\geq 0.4$ ) y considerando que en el manejo genético nos interesa optimizar la reproducción para tener una generación con una adecuada diversidad genética; se realizó una selección de los mejores machos y las mejores hembras de todas las UMAs en términos de parentesco genético. En esta agrupación está integrada por 41 hembras y 7 machos; los cuales tienen un bajo valor en el índice de  $HL$  ( $< 0.4$ ). El total de parejas que puede formarse en esta agrupación es de 287 de las cuales 231 parejas no se encuentran relacionadas. Sin embargo, haciendo una selección rigurosa, de la agrupación anterior proponemos un grupo inicial para conservación integrado por 5 hembras y 7 machos que no se encuentran relacionadas mostraron tener los valores más de homocigosidad por loci ( $HL$ ) (Tabla 3).

También realizamos una agrupación de los individuos que presentaban un alto valor en el índice de  $HL$  ( $\geq 0.4$ ). La agrupación está integrada 49 hembras y 20 machos para formar un total de 980 parejas potenciales de las cuales 807 no se encuentran relacionadas (Tabla 4).





Esta última agrupación se recomienda con fines de aprovechamiento solamente.

Por otro lado, debido a que cada UMA tiene características propias para establecer un manejo genético. También realizamos las siguientes propuestas de cruza de individuos que pueden implementarse para un mejor control apareamiento y conservación genética en cada una de las UMAs.

Para la UMA "La Encantada", se seleccionaron individuos no emparentados y con baja homocigosidad. Al analizar los datos encontramos que se pueden establecer dos grupos de reproductores:

El grupo 1 el cual está integrado por 4 machos y 37 hembras para tener formar 148 cruza (Tabla 5). El siguiente grupo 2 de parejas no relacionadas en la UMA "La Encantada" está integrado por 5 machos y 17 hembras para formar un total de 85 parejas no relacionadas (Tabla 6).

Para las UMAs del estado de Tabasco y CICEA, debido a la alta relación que muestran los individuos fundadores, se recomienda que se tenga apareamientos con hembras procedentes de la UMA "La Encantada". Por lo tanto, recomendamos los siguientes cruces para realizar los apareamientos en estas UMAs. El criterio de selección para crear las cruza fue que los individuos seleccionados no están emparentados y las hembras tienen un bajo valor en el índice de homocigosidad ( $<0.4$ ). Por lo que propone realizar un intercambio de individuos

Para la UMA del Estado de Tabasco se recomiendan a 17 hembras procedentes de la encantada para que puedan cruzarse con los 12 machos que cuenta esta UMA. (Tabla 7) El total de parejas a formar son 204. Para la UMA CICEA (Tabla 8) se recomiendan a 17 hembras procedentes de la UMA "La Encantada" para que puedan cruzarse con los 6 machos que cuenta esta UMA. El total de parejas a formar son 102. Se recomienda mantener estos individuos juntos para tener un sistema de apareamiento de poliandria, el cual es reportado en tortugas.



**Tabla 3.- Cruzas recomendadas para desarrollar la colonia destinada la conservación.**

En esta tabla se muestran las relaciones de parentesco de las parejas hembra-macho e índice de homocigosidad para *D. mawii* en tres UMAs del Estado de Tabasco. Incluye aquellos individuos que al realizar un análisis total de todos los individuos fundadores de las UMAs evaluadas tienen un bajo índice de homocigosidad  $< 0.4 HL$  (lo que significa que al menos presentan un 60% de heterocigosidad) y no están relacionados genéticamente (sin parentesco). Después de aplicar este criterio, se seleccionaron 5 hembras todas pertenecientes a la UMA "La encantada" y 7 machos de las 3 UMAs estudiadas. Este grupo se recomienda para crear la colonia con fines de conservación de la especie, sin embargo es necesario hacer un intercambio de individuos entre las UMAs, así como y seleccionar la mejor UMA para resguardo y mantenimiento. Simbología: U= No relacionados, HS= Medios hermanos, FS=Hermanos completos, PO= Padres-Hijos.

		ID Machos							
		Proyecto	ENC-014	ENC-021	ENC-045	ENC-051	ENC-052	NAC-118	CICEA-005
		UMA	207	S/M	S/M	S/M	204	118	101
ID Hembras		HL	0.31	0.20	0.28	0.30	0.28	0.38	0.20
Proyecto	UMA								
ENC-004	269	0.24	U	U	U	U	U	U	U
ENC-022	S/N	0.38	U	U	U	U	U	U	U
ENC-023	201	0.38	U	U	U	U	U	U	U
ENC-058	156	0.37	U	U	U	U	U	U	U
ENC-065	164	0.18	U	U	U	U	U	U	U





ENC-026	244	0.41	U	U	U	U	U	HS	U	FS	HS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
ENC-027	172	0.41	U	U	U	U	U	U	U	HS	HS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
ENC-028	179	0.76	U	U	U	HS	U	U	HS	HS	U	U	U	U	HS	U	U	HS	U	U	U	U
ENC-030	219	0.52	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
ENC-036	189	0.46	U	U	HS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
ENC-037	153	0.41	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
ENC-039	S/M	0.41	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	U	HS	U
ENC-040	237	0.42	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	U	U	U
ENC-041	208	0.48	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
ENC-043	183	0.41	U	U	U	HS	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	U	U	U	U	U	HS	U
ENC-046	232	0.58	U	U	U	FS	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	FS	U	U	U	U	U	U
ENC-056	212	0.42	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	U	U	FS	HS	U	U	U	U	U
ENC-062	S/M	0.55	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	U	HS	U	U	HS	U	U	U
NAC-24	24	0.57	U	U	U	U	HS	HS	U	HS	U	U	HS	HS	U	U	U	U	U	U	U	U
NAC-42	42	0.41	U	U	U	U	HS	FS	HS	FS	FS	U	HS	HS	U	U	U	U	U	U	U	U
NAC-105	105	0.55	U	U	U	HS	U	FS	U	HS	U	FS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
NAC-112	112	0.59	U	U	U	U	U	FS	HS	FS	FS	FS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
NAC-120	120	0.42	U	U	U	FS	U	PO	HS	FS	PO	FS	HS	U	HS	U	U	HS	U	U	U	U
NAC-122	122	0.85	U	U	U	U	FS	FS	FS	FS	U	FS	U	HS	U	U	U	U	U	U	U	U
NAC-123	123	0.51	U	U	U	U	U	FS	HS	FS	FS	FS	HS	FS	U	U	U	U	U	FS	HS	U
NAC-125	125	0.56	U	U	U	U	U	HS	U	HS	U	FS	HS	HS	U	U	U	U	FS	U	U	U
NAC-129	129	0.73	U	U	U	U	U	U	U	FS	FS	HS	U	U	U	U	U	U	U	HS	U	U
NAC-130	130	0.67	HS	U	U	U	U	FS	U	U	U	FS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U
NAC-131	131	1	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	U	U	U	U	U	HS	U	U	U	U
NAC-136	136	0.46	U	U	U	U	U	HS	FS	HS	U	U	FS	FS	HS	U	U	HS	U	U	U	U
NAC-138	138	0.52	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	HS	U	U	U	HS	U	U



NAC-140	140	0.51	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	HS	HS	U	FS	U	FS
CICEA-001	15	0.54	U	U	HS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	FS	U	U	U	U
CICEA-006	52	0.48	U	U	U	U	U	U	HS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	FS	U	U	U
CICEA-009	Profepa	0.62	U	U	U	U	FS	U	HS	FS	U	U	HS	FS	U	U	HS	HS	HS	U	U	HS	HS
CICEA-010	100	0.76	U	U	U	U	U	FS	U	U	U	HS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	FS
CICEA-1	1	0.87	U	U	U	U	U	FS	U	U	U	U	U	FS	U	U	HS	U	FS	FS	HS	FS	FS
CICEA-13	13	0.51	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	FS	FS	FS	FS
CICEA-31	31	1	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	U	FS	FS	FS	FS
CICEA-107	107	0.85	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	U	U	U	U	U	U	U	HS	HS	U	HS	U
CICEA-110	110	0.86	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	FS	HS
CICEA-114	114	0.63	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	FS	FS	FS	HS
CICEA-128	128	0.76	U	U	U	HS	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	HS	FS	FS	FS	HS
CICEA-131	131	0.85	U	U	U	HS	U	U	U	U	U	U	FS	U	U	U	U	U	U	U	FS	FS	U
CICEA-143	143	0.71	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	FS	FS	HS



Si las cruzas recomendadas en la tabla 4, no fuese posible llevarlas a cabo porque los individuos se encuentran distribuidos en las 3 UMAs, presentamos en las siguientes tablas las mejores cruzas para minimizar depresión endogámica por cada UMA. En la UMA "La Encantada" que como se mencionó previamente es la que presenta una mayor diversidad genética, es posible tener un número mayor de individuos destinados a la conservación y recomendamos la formación de 2 grupos (Tablas 5 y 6), con baja relación genética y una homocigocidad aceptable aunque algunos de los individuos puedan tener una índice de homocigocidad mayor a 0.4. Se recomiendan dos grupos debido a que así se evitan relaciones cercanas de parentesco y se propicia la multipaternidad, que incrementa la diversidad genética. Este sistema está reportando como una estrategia reproductiva en tortugas.

**Tabla 5. Grupo 1 de individuos adecuados para realizar un manejo genético destinado a la conservación en la UMA "La Encantada".**

		ID Machos	Proyecto	ENC-008	ENC-013	ENC-014	ENC-019	
			UMA	S/M	205	207	149	
ID Hembras		Pro	UMA	HL	0.58	0.42	0.31	0.47
ENC-022	S/M			0.38	U	U	U	U
ENC-023	201	0.38	U	U	U	U		
ENC-024	S/M	0.38	U	U	U	U		
ENC-026	244	0.41	U	U	U	U		
ENC-027	172	0.41	U	U	U	U		



ENC-028	179	0.76	U	U	U	U
ENC-029	3	0.13	U	U	U	U
ENC-030	219	0.52	U	U	U	U
ENC-031	197	0.39	U	U	U	U
ENC-032	266	0.32	U	U	U	U
ENC-034	S/M	0.23	U	U	U	U
ENC-037	153	0.41	U	U	U	U
ENC-038	253	0.39	U	U	U	U
ENC-039	S/M	0.41	U	U	U	U
ENC-040	237	0.42	U	U	U	U
ENC-041	208	0.48	U	U	U	U
ENC-042	264	0.36	U	U	U	U
ENC-043	183	0.41	U	U	U	U
ENC-044	160	0.38	U	U	U	U
ENC-046	232	0.58	U	U	U	U
ENC-047	222	0.33	U	U	U	U
ENC-049	S/M	0.34	U	U	U	U
ENC-050	241	0.37	U	U	U	U
ENC-053	191	0.28	U	U	U	U
ENC-054	174	0.35	U	U	U	U
ENC-055	203	0.25	U	U	U	U
ENC-056	212	0.42	U	U	U	U
ENC-057	262	0.22	U	U	U	U
ENC-058	156	0.37	U	U	U	U
ENC-059	S/M	0.37	U	U	U	U
ENC-060	170	0.11	U	U	U	U



ENC-061	S/M	0.26	U	U	U	U
ENC-062	S/M	0.55	U	U	U	U
ENC-064	157	0.28	U	U	U	U
ENC-065	164	0.18	U	U	U	U
ENC-066	175	0.22	U	U	U	U
ENC-067	221	0.38	U	U	U	U





**Tabla 6. Grupo 2 de individuos adecuados para realizar un manejo genético destinado a la conservación en la UMA "La Encantada".**

		ID Machos	Proyecto	ENC-021	ENC-045	ENC-048	ENC-051	ENC-052
			UMA	S/M	S/M	158	S/M	204
<b>ID Hembras</b>			<b>HL</b>	0.2	0.28	0.52	0.3	0.28
Pro	UMA							
ENC-001	145		0.41	U	U	U	U	U
ENC-002	170		0.42	U	U	U	U	U
ENC-003	164		0.42	U	U	U	U	U
ENC-004	269		0.24	U	U	U	U	U
ENC-005	193		0.32	U	U	U	U	U
ENC-006	6		0.37	U	U	U	U	U
ENC-007	254		0.44	U	U	U	U	U
ENC-010	154		0.42	U	U	U	U	U
ENC-011	4		0.38	U	U	U	U	U
ENC-012	185		0.28	U	U	U	U	U
ENC-015	171		0.34	U	U	U	U	U
ENC-016	152		0.24	U	U	U	U	U
ENC-017	181		0.42	U	U	U	U	U
ENC-018	S/M		0.49	U	U	U	U	U
ENC-022	S/M		0.38	U	U	U	U	U
ENC-023	201		0.38	U	U	U	U	U
ENC-025	176		0.42	U	U	U	U	U







**Tabla 8. Reproductores adecuados para realizar un manejo genético en la UMA CICEA**

En esta UMA al igual que en la UMA del estado de Tabasco, no es posible llevar a cabo un manejo genético como el recomendado para la UMA "La Encantada", debido a que sus individuos están muy emparentados, por lo que se recomienda el intercambio de individuos a partir de la UMA "La Encantada", debido a que algunos individuos se encuentran entre los recomendados en las tablas 5 y 6 para los grupos de conservación. Se recomienda el préstamo temporal entre UMAs de estas hembras. Se seleccionaron estos grupos porque no presentan parentesco y la homocigosidad de las hembras es baja, aunque este índice este índice es alto en los machos, sin embargo la UMA del estado únicamente tiene 6 machos.

		ID Machos	Pro	CICEA-004	CICEA-005	CICEA-007	CICEA-23	CICEA-108	CICEA-10
		UMA		141	101	Prof	23	108	10
ID Hembra									
Pro	UMA	HL							
			0.44	0.2	0.48	1	0.73	0.78	
ENC-004	269	0.24	U	U	U	U	U	U	U
ENC-005	193	0.32	U	U	U	U	U	U	U
ENC-006	6	0.37	U	U	U	U	U	U	U
ENC-011	4	0.38	U	U	U	U	U	U	U
ENC-012	185	0.28	U	U	U	U	U	U	U
ENC-015	171	0.34	U	U	U	U	U	U	U
ENC-016	152	0.24	U	U	U	U	U	U	U
ENC-029	3	0.13	U	U	U	U	U	U	U
ENC-031	197	0.39	U	U	U	U	U	U	U
ENC-032	266	0.32	U	U	U	U	U	U	U
ENC-033	S/M	0.31	U	U	U	U	U	U	U
ENC-034	S/M	0.23	U	U	U	U	U	U	U
ENC-035	203	0.31	U	U	U	U	U	U	U

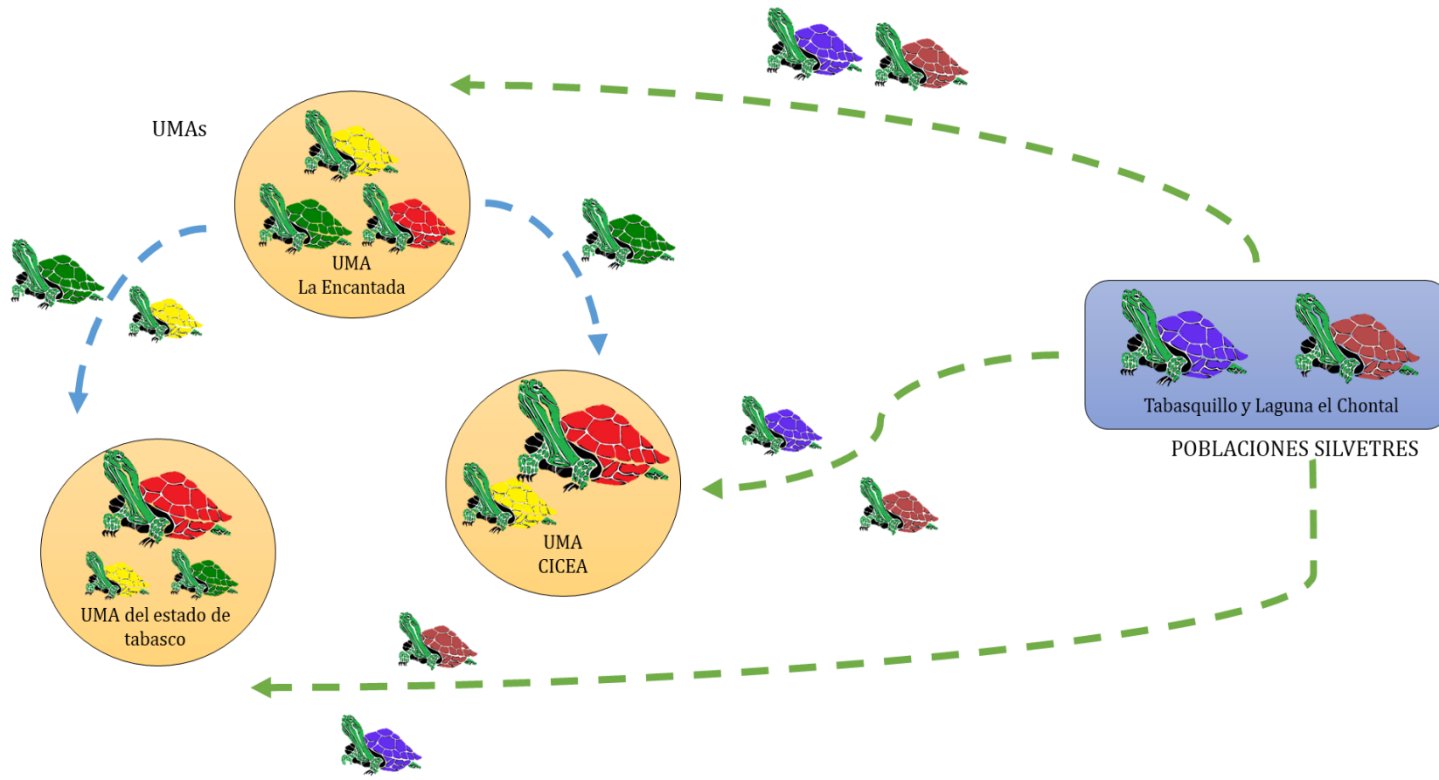


Figura 3. Esquema de intercambio para mantener la diversidad genética de *Dermatemys mawii* en cautiverio. El color de cada tortuga representa los diferentes grupos presentes, tanto en UMAs como en vida silvestre.

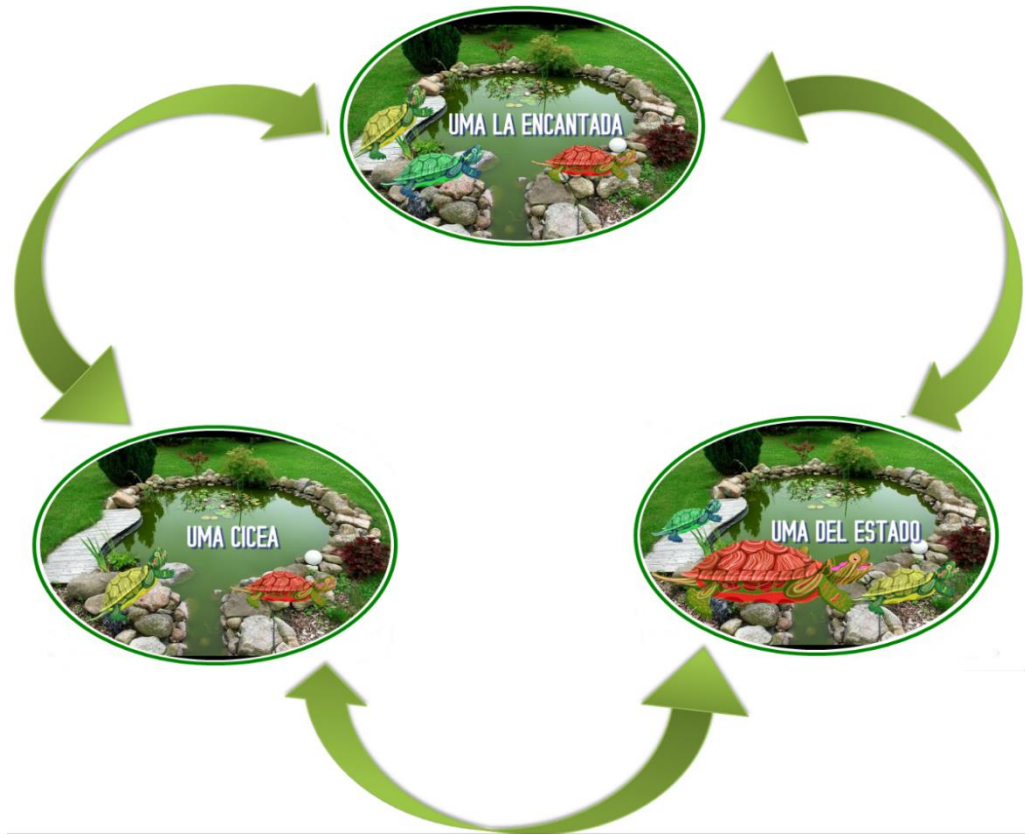


Figura 4. Esquema de intercambio entre UMAs para mantener la diversidad genética en las colonias de aprovechamiento.



Estrategias y acciones más convenientes para la conservación de una estructura genética adecuada.

	ESTRATEGIAS	ACCIONES
1	Incrementar la diversidad genética en el lote de conservación.	<ul style="list-style-type: none"> <li>a) Aumentar el lote de conservación con individuos de vida silvestre procedentes de las áreas de Tabasquillo y Laguna del Chochal.</li> <li>b) Incluir individuos de los decomisos realizados por PROFEPA, genotipificados previamente.</li> <li>c) Realizar intercambios de individuos entre UMAs, siempre y cuando aporten nuevos alelos al lote destinado a la conservación.</li> <li>d) Evaluar la diversidad y estructura genética de otros sitios dentro del área de distribución de las especies, para la identificación de los linajes existentes.</li> </ul>
2	Minimizar la endogamia dentro de los lotes reproductores para la conservación y el lote destinado a aprovechamiento.	<ul style="list-style-type: none"> <li>a) Genotipificar los individuos fundadores, así como cualquier individuo que se desee introducir a la UMA.</li> <li>b) Genotipificar de cada nueva generación, al menos el 30% de la nidada, cuando</li> </ul>



		<p>alcancen una talla adecuada. (Sugerido a los 18 meses de edad).</p> <p>c) Separar a los descendientes de los progenitores, antes de alcanzar la edad reproductiva. Para evitar apareamiento entre organismos emparentados.</p> <p>d) Separar los individuos por generaciones, evitando el apareamiento entre generaciones traslapadas.</p>
3	<p>Ampliar el conocimiento sobre la biología reproductiva de <i>Dermatemys mawii</i> y <i>Trachemys venusta</i>.</p>	<p>a) Realizar investigaciones sobre almacenamiento de esperma y competencia espermática en las dos especies.</p> <p>b) Evaluar la presencia de multipaternidad.</p> <p>c) Evaluar el comportamiento reproductivo en cautiverio y vida libre.</p> <p>d) Investigar sobre los genes que regulan la determinación sexual.</p> <p>e) Investigar la fertilidad y fecundidad de las dos</p>





		<p>especies.</p> <p>f) Evaluar la viabilidad de la nidada en vida libre y cautiverio.</p> <p>g) Determinar la densidad óptima en los estanques reproductores para propiciar la poliandria.</p>
4	<p>Evaluación y formulación de nuevas políticas para la conservación de <i>D. mawii</i> y <i>T. venusta</i>.</p>	<p>a) Permitir cuando sea necesario la captura e introducción a las UMAs de individuos de vida silvestre.</p> <p>b) Los lotes destinados a liberación, deberán ser evaluados genéticamente previamente.</p> <p>c) Incrementar la supervisión a las UMAs de tortugas sobre los planes de manejo.</p> <p>d) Definir un centro de resguardo de todos los linajes de cada especie.</p> <p>e) Tener unidades satélites de este centro de resguardo en UMAs que cumplan con ciertas condiciones de seguridad (duplicados).</p> <p>f) Definir criterios para la otorgación, de pie de cría para la creación de nuevas UMAs. Evitando destinar una nidada completa a la nueva</p>



		UMA.
--	--	------