



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

PLAN DE MANEJO GENÉTICO PARA *Trachemys venusta* EN LA UMA DEL ESTADO DE TABASCO: 7 de diciembre de 2018

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



Plan de manejo genético para *Trachemys venusta* en la UMA del estado de Tabasco.

Introducción

La hicoitea (*Trachemys venusta*) es una especie dulceacuícola que pertenece a la familia Emydidae, endémica del sureste de México y América central. Alcanza hasta 48 cm de longitud recta del caparazón y pesa hasta 5 kg. La cabeza tiene una banda ancha amarilla a cada lado de los ojos; la parte ventral de la cabeza hasta la región gular muestra bandas amarillas longitudinales. Extremidades con un patrón de bandas oscuras y claras. Su caparazón es ovalado con el extremo posterior un poco más ancho que él y ligeramente levantado, tiene una quilla vertebral y un ocelo grande en cada escama de color negro o café oscuro bordeado de bandas verdes oscuras y naranjas. El plastrón es grande, con puentes anchos y de fondo amarillo con diseño oscuro simétrico en la parte de en medio. La especie presenta dimorfismo sexual, las hembras más grandes y los machos adultos exhiben plastrón cóncavo, hocico delgado y levantado) y cola relativamente más larga. La hembra puede anidar hasta dos veces durante la temporada, el tamaño de la nidada puede ser en promedio de 4 a 17 huevos por nido, los huevos miden aproximadamente 3.5cm de largo, 2.5 cm de ancho y pesan hasta 13.50 gr.

Trachemys venusta, al igual que otras especies dulceacuícolas, ha sido exitosamente reproducida en cautiverio en Unidades de conservación de vida silvestre (UMA) en Tabasco. 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 cruas 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 una UMA dedicada a la reproducción de *Trachemys venusta* en el estado de Tabasco: La UMA de tortugas del estado de Tabasco, la cual se localiza en Nacajuca, Tabasco. Fue creada en 1978, sus objetivos son la reproducción, investigación, educación y conservación de siete especies de tortugas dulceacuícolas (incluyendo *T. venusta*). También, entre las funciones importantes que



realiza esta UMA es la donación de pies de cría que servirán como organismos fundadores de nuevas UMAs.

La realización del plan de manejo genético se llevó a cabo 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 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 siguientes 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; Para determinar el número óptimo de grupos genéticos utilizamos el algoritmo de Markov Chain Monte Carlo y el método Evanno ΔK .

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

Procedimiento para realizar un manejo genético continuo en la especie *Trachemys venusta*.

Los resultados del coeficiente de relación de los individuos fundadores de *Trachemys venusta* en la UMA del Estado de Tabasco, nos permitieron determinar que existen bajos niveles de parentesco, lo que puede indicar que los individuos fundadores de la UMA provenían de diferentes poblaciones o que la población de origen era lo suficientemente grande como para evitar el parentesco.

Por lo tanto, para fines de mantener la diversidad genética en *Trachemys venusta* en cautiverio, recomendamos como primer paso crear dos colonias con diferente finalidad: 1) La primera colonia en la que consideramos los individuos fundadores que presentan mejor heterocigosidad y bajos índices de relación genética (parentesco), estará destinada a la conservación y repoblación. 2) La segunda colonia, estará formada por individuos que presentan mayor homocigosidad y pueden presentar parentesco. Esta colonia se puede crear con los individuos excluidos de la colonia de conservación.



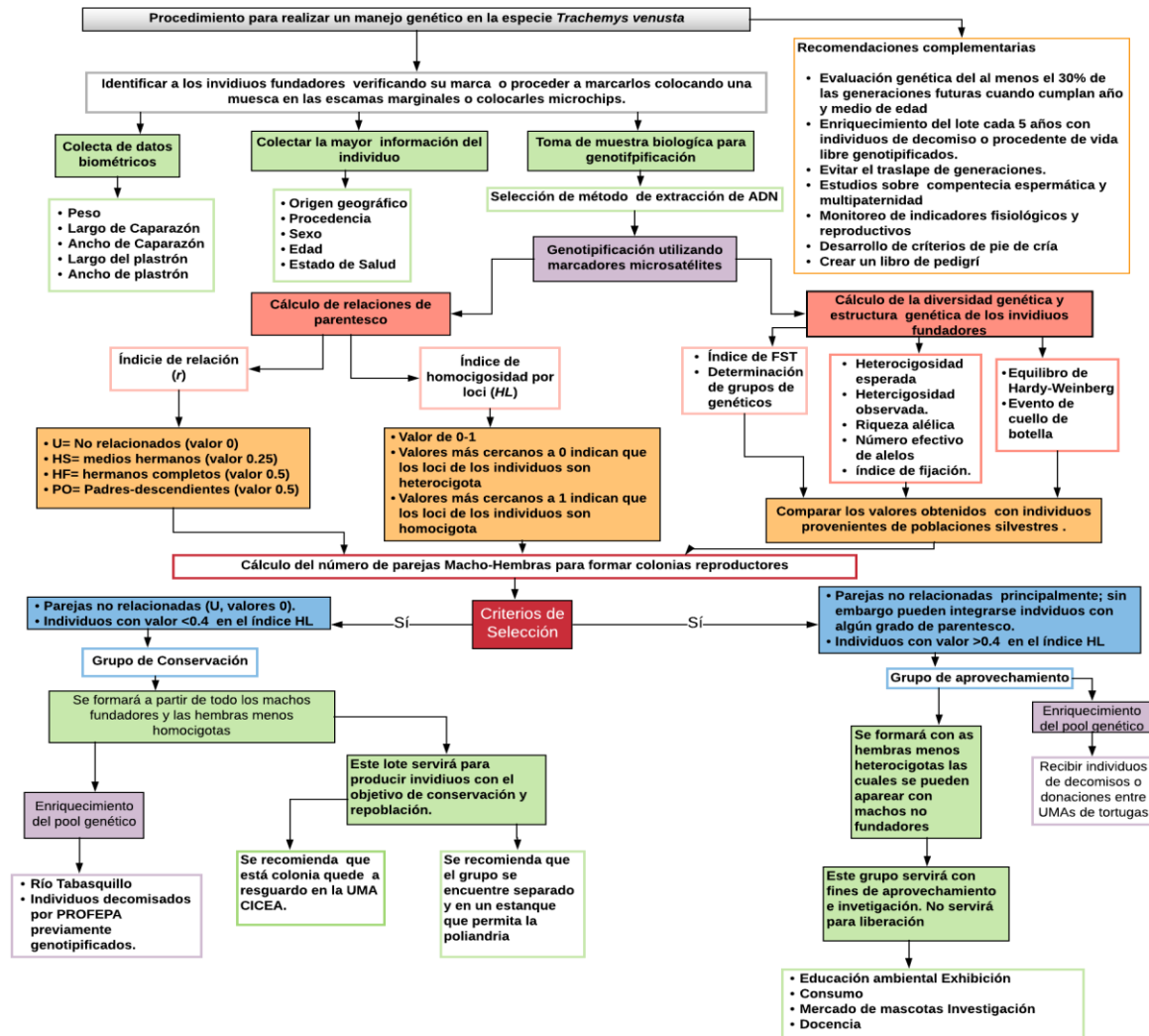
Recomendamos también enriquecer el pool genético de la colonia destinada a la conservación y liberación, con individuos silvestres que procedan de la zona del municipio de Centla ya que la localidad de Miguel Hidalgo es la que presenta mayor diversidad genética, así como con individuos decomisados por PROFEPA previamente genotipificados.

Para la primera colonia seleccionamos parejas reproductoras potenciales (hembra-macho), de las cuales aproximadamente el 80% no están relacionadas genéticamente. La elección se realizó de acuerdo a los resultados obtenidos de la hipótesis específica del programa ML-RELATE Y STORM. Recomendamos un total de 247 parejas potenciales las cuales se seleccionaron con base al coeficiente de relación genética de cero lo que indica que los individuos no comparten alelos, además de que presentan un bajo índice de HL.

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.



Procedimiento para realizar un manejo genético continuo en la especie *Trachemys venusta*





Resultados de la diversidad genética y estructura genética en la UMA del Estado de Tabasco y poblaciones silvestres

Se analizaron un total de 86 individuos fundadores de la UMA del Estado de Tabasco. El número de alelos diferentes considerando todos los individuos fundadores fue de 5.9. 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 observados fueron los siguientes: $H_O=0.539$ y $H_E=0.606$; los valores globales de Heterocigocidad esperada H_E para la UMA fue más alto, que los de las poblaciones silvestres (0.594), sin embargo, estos valores no fueron significativamente diferentes. Los valores más detallados de diversidad genética se pueden observar en la Tabla 1.

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.

En cuanto a la estructura genética, encontramos que globalmente, los valores de F_{ST} mostraron una diferenciación genética moderada (< 0.085). Así también se observó que en las poblaciones silvestres de Bosques de Saloya (BS) y Miguel Hidalgo (MH) existe diferenciación genética (Tabla 2).

Los resultados del análisis Bayesiano llevado a cabo con el programa STRUCTURE nos permite identificar dos grupos $K = 2$ se muestra además una separación perfecta entre individuos de la UMA (grupo verde) (Fig. 1) y los individuos de las poblaciones silvestres (Naranja en la Fig. 1). Un análisis subsecuente en STRUCTURE llevado a cabo para cada grupo no identifica ninguna subpoblación.



Tabla 1. Diversidad genética de *Trachemys venusta* en la UMA del estado de Tabasco y las poblaciones silvestres.

	UMA	Poblaciones silvestres			
	Estado de Tabasco	Bosques de S.	La Venta	Miguel Hidalgo	Global
N	86	12	29	4	45
N_a	5.900	4.100	5.400	2.700	5.400
N_e	3.684	2.859	3.298	2.412	3.344
H_o	0.539	0.334	0.386	0.550	0.386
H_e	0.606	0.508	0.597	0.494	0.594
F	0.129	0.324	0.342	na	0.317
P_{HWE}	ns	***	***	na	***
P_{TPM}	0.187	0.527	0.312	na	0.422
P_{SMM}	0.384	0.628	0.422	na	0.500

Número de alelos individuales (N), número promedio de alelos (N_a), número de alelos promedios (N_e), Heterocigosidad observada (H_o), Heterocigosidad esperada (H_e), coeficiente de endogamia (F), Equilibrio de Hardy-Weinberg (HWE), Resultados de la prueba para dos modelos mutacionales: Modelo de mutación en dos fases (TPM) y modelo de mutación por pasos. (SMM).

Tabla 2. Valores pareados de F_{ST} para *Trachemys venusta* entre UMA y poblaciones silvestres.

UMA-NAC	BOSQUES DE S.	LA VENTA	MIGUEL HIDALGO	
0.000	0.001	0.001	0.001	UMA-NAC
0.059	0.000	0.003	0.013	BOSQUES DE S.
0.056	0.033	0.000	0.063	LA VENTA
0.085	0.072	0.035	0.000	MIGUEL HIDALGO

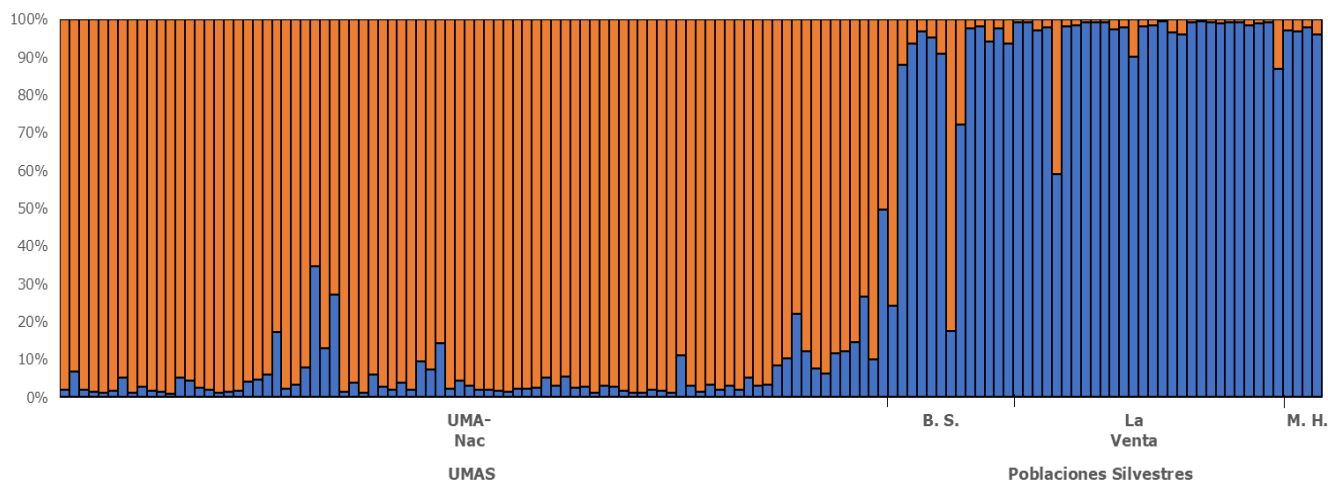


Figura 1. Análisis Bayesiano obtenido por STRUCTURE 2.3.3 usando una $K = 2$ para *Trachemys venusta*. Cada individuo está representado por una línea vertical, dividida entre los segmentos de su genotipo indica para cada grupo. Simbología: UMA-Nac: UMA del estado de Tabasco. Poblaciones silvestres: B.S.: Bosques de Saloya; M.H.: Ranchería Miguel Hidalgo.

Resultados del análisis de parentesco hembra-macho de *T. venusta* en la UMA del Estado de Tabasco 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 ≤ 0 se consideran no relacionados, valores ≤ 0.25 son considerados medios hermanos, y los valores > 0.25 se consideran hermanos completos o padres-hijos sin distinción.

De tal manera, encontramos que, entre todos los individuos de la UMA, se pueden formar un total 949 parejas, de las cuales solo 247 parejas no están relacionadas. Para formar las parejas se realizó una selección de los mejores machos y las mejores hembras en términos de parentesco genético. Esta agrupación está integrada por 19 hembras y 13 machos (Tabla 3); los cuales tienen un bajo valor en el índice de HL . Estos individuos son los adecuados para conservación genética. De la



agrupación anterior proponemos un grupo inicial para conservación (Tabla 4).

Las hembras excluidas de este grupo de conservación pueden ser integradas a colonias dedicadas al aprovechamiento de la especie (consumo, mascotas, investigación, etc). Una segunda opción con estos individuos es formar una nueva colonia para conservación, integrando machos que provengan de vida libre o de decomisos de PROFEPA previamente genotipificados.



15	405	0.26	FS	HS										HS	
16	53	0.02		HS	HS					HS					
17	126	0.60	HS	FS	HS		HS		HS						
18	40	0.24	HS	HS											
19	81	0.39					HS		HS						
20	208	0.20			HS	HS	HS								HS
23	132	0.52			HS	HS									
24	118	0.41				HS	FS		HS						
26	96	0.37			HS			HS		FS				HS	
27	104	0.11		HS	FS			HS							
28	111	0.27			FS			HS		FS					
29	208	0.26		FS		HS		FS	HS						
30	244	0.40					HS		PO	FS					
32	67	0.43						FS	HS	PO					
33	21	0.10						PO	PO	FS					
34	66	0.13				HS		PO	HS	FS			HS		
36	178	0.37							FS	HS	HS	HS			HS
38	58	0.24													
39	64	0.22			FS									HS	
40	83	0.52					HS								
41	51	0.37							HS		HS		HS		HS
42	73	0.23	FS			HS							HS		
43	129	0.41		HS			PO			HS					
44	250	0.35							HS			HS	HS		



45	116	0.23								FS	PO	HS	HS		HS
48	3	0.62										HS	FS		
49	202	0.27			HS						HS	PO			
50	526	1.00									FS				
51	65	0.51									HS				
52	199	0.22										FS			
53	1	0.36											HS		
54	112	0.49													
55	106	0.36										FS			
56	44	0.49						HS				HS	HS		
57	23	0.49				HS						HS			
58	61	0.11				HS		HS				HS	HS		
59	36	0.11				HS	HS	FS		HS		HS			
61	6	0.36					HS	FS				HS			
62	123	0.34								HS	HS		FS		
63	2	0.22			HS						HS				
64	19	0.36									HS	FS	HS		
65	47	0.47													
66	143	0.40									FS	FS			
67	109	0.68									HS		HS		
68	29	0.49							HS						
69	85	0.49									FS		HS		
70	13	0.28									HS	HS			
71	60	0.33			HS	HS							PO		HS



Tabla 4. Grupo de reproductores adecuados para realizar un manejo genético en la UMA del Estado de Tabasco.

En esta tabla se representan los individuos seleccionados para crear una colonia de conservación en la UMA del Estado de Tabasco. Se seleccionaron las hembras que tienen los índices más bajos de homocigosidad y no presentan parentesco con ningún macho. Sin embargo, en algunos de los machos los valores de homocigosidad son mayores de 0.4, pero no se eliminaron debido a son los únicos machos fundadores y no deseábamos reducir demasiado el tamaño de la colonia destinada a conservación.

Macho	ID UMA	Hembra (ID UMA)
10	29	2(194), 6(93), 9(7), 11(29), 20(208), 38(58), 41(51), 51(65), 53(1), 54(112), 56(44), 57(23), 63(2), 65(47), 67(109), 68(29), 70(13), 78(35), 81(77)
13	82	
21	133	
22	259	
25	307	
31	779	
35	290	
37	403	
46	301	
47	75	
60	176	
75	701	
83	179	

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.	a) Aumentar el lote de conservación con individuos de vida silvestre procedentes de las áreas de Tabasquillo y Laguna del Chochal.



		<p>b) Incluir individuos de los decomisos realizados por PROFEPA, genotipificados previamente.</p> <p>c) Realizar intercambios de individuos entre UMAs, siempre y cuando aporten nuevos alelos al lote destinado a la conservación.</p> <p>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.</p>
2	<p>Minimizar la endogamia dentro de los lotes reproductores para la conservación y el lote destinado a aprovechamiento.</p>	<p>a) Genotipificar los individuos fundadores, así como cualquier individuo que se desee introducir a la UMA.</p> <p>b) Genotipificar de cada nueva generación, al menos el 30% de la nidada, cuando 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</p>



		<p>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 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</p>



		reproductores para propiciar la poliandria.
4	Evaluación y formulación de nuevas políticas para la conservación de <i>D. mawii</i> y <i>T. venusta</i> .	<ul style="list-style-type: none">a) Permitir cuando sea necesario la captura e introducción a las UMAs de individuos de vida silvestre.b) Los lotes destinados a liberación, deberán ser evaluados genéticamente previamente.c) Incrementar la supervisión a las UMAs de tortugas sobre los planes de manejo.d) Definir un centro de resguardo de todos los linajes de cada especie.e) Tener unidades satélites de este centro de resguardo en UMAs que cumplan con ciertas condiciones de seguridad (duplicados).f) Definir criterios para la otorgación, de pie de cría para la creación de nuevas UMAs. Evitando destinar una nidada completa a la nueva UMA.

