

I Congreso de la Sociedad Mesoamericana de Ecología y Evolución

Programa

Jueves 24.08.2023				
10:00 - 11:00	Registro			
11:00 - 12:00	Asamblea General			
12:00 - 13:00	Charla invitada: Josefa González - La base genómica de la adaptación: una aproximación científica y ciudadana			
13:00 - 14:00	Break/Almuerzo			
14:00 - 14:20	Ana Yansi Morales Arce	La respuesta evolutiva a los fármacos mutagénicos en el virus de la gripe A depende de su bagaje genético	EA	V
14:20 - 14:40	Wenceslao Parrilla Martínez	La diversidad de virus en los murciélagos del mundo: implicaciones zoonóticas y coevolución	TF	V
14:40 - 15:00	Jorge Cruz Nicolás	Procesos estocásticos y cambios en la tasa evolutiva implicados en la diversificación de un linaje de pinos duros tropicales (Pinus).	GP	P
15:00 - 15:20	Pavel García	Variación en el crecimiento de un tricoptero fragmentador de hojas pantropical (Trichoptera: Phylloicus) al contenido de N-P de hojarasca.	EC	P
15:20 - 15:40	Break			
15:40 - 16:00	José Manuel García-Enríquez	Genética poblacional del Cangrejo Herradura Americano, Limulus polyphemus, a través de su distribución en la Península de Yucatán, México. Implicaciones para su manejo y conservación.	GP	V
16:00 - 16:20	César E. Fuentes Montejo	Traslape de nicho? Ecología y morfología de especies simpátricas de Rocio (Teleostei: Cichlidae) en Guatemala	EC	V
16:20 - 16:40	Carlos Alberto Hernández Orta	El efecto del calentamiento sobre la microbiota de la piel durante el desarrollo de Dryophytes arenicolor: una visión de cambio climático	GP	P
16:40 - 17:00	Ana Lucía Escobar Cifuentes y Maria de Belen Chacón Paz	Cuando el río suena, manatíes trae: detección del manatí y caracterización del hábitat en aguas oscuras del Caribe de Guatemala.	EC	P

Viernes 25.08.2023				
10:00 - 11:00	Charla invitada: Marc Girondot - Eco-Evo-Devo: The time has come to introduce ecological information into Evo-Devo research field			
11:00 - 11:20	Break			
11:20 - 11:40	Astrid Alejandra Morales Cabrera y Diana Gisella Velásquez Ramírez	Sistemática molecular del complejo Awaous banana (Gobios de río; Teleostei: Oxudercidae).	TF	P
11:40 - 12:00	Sergio González-Molinedo	Revolver la baraja: Dinámica de transposones en una población aislada de aves	GP	P
12:00 - 12:20	Jimena García	Relaciones filogenéticas entre poblaciones de Bolitoglossa helmrichi (Caudata: Plethodontidae) de las Verapaces y Quiché, Guatemala	TF	P
12:20 - 12:40	David A. Prieto-Torres y Daniela Remolina Figueroa	Mirar al futuro para conservar: los anfibios de los bosques secos de Mesoamérica vs. el cambio climático global	EC	V
12:40 - 13:00	Francisco Maximiliano González Serrano	Exploración de la influencia de factores ambientales y la filogenia del hospedero en la diversidad microbiana de la piel de las salamandras	TF	V
13:00 - 14:00	Break/Almuerzo			
14:00 - 14:20	Rosa Alicia Jiménez	Colibríes del género Lampornis resaltan la complejidad biogeográfica de América Central Nuclear	TF	P
14:20 - 14:40	Nastienka Yael Pérez Jiménez	Factores antrópicos y ambientales asociados a la composición de roedores y murciélagos en un gradiente de conservación en la península de Yucatán, México	EC	P
14:40 - 15:00	Gabriela Aridai Borja Martínez	Paisajes alterados y su relación con el microbioma intestinal de roedores mexicanos	B	P
15:00 - 15:20	Giovani Hernández Canchola	Biogeografía evolutiva de los ratones del subgénero Aporodon (Neotominae: Reithrodontomys)	B	P
15:20 - 15:40	Break			
15:40 - 17:00	Sesión de pósters			

Sábado 26.08.2023				
10:00 - 11:00	Charla invitada: Alejandra Zamora - Estructuración poblacional y diversidad genética de <i>Agalychnis moreletii</i> ¿Preocupación menor?			
11:00 - 11:20	Break			
11:20 - 11:40	Lesly E. Sosa, Sofía A. Sánchez, Sara M. Monterroso, y María A. Campos	Disminución del tamaño corporal de <i>Passalus punctiger</i> con el paso de los años	EC	P
11:40 - 12:00	Julio A. Ayala-López	Consecuencias Evolutivas de Heterosis e Incompatibilidades en Híbridos	GP	P
12:00 - 12:20	Beverly Pérez, Amy Argueta y Melany Guzmán	Acondicionamiento de forrajeo en ictéridos y túrdidos en el campus UVG de la Ciudad de Guatemala.	EC	V
12:20 - 12:40	Marco Antonio Alan Garduño Sánchez	Reconstrucción filogenómica, estructura genética y flujo génico del complejo <i>Astyanax mexicanus</i> (De Fillipi 1853) (Actinopterygii, Characidae).	TF	V
12:40 - 13:00	Ernesto Raya García	La evolución de la dormancia de verano y su relación con el caparazón de las tortugas	EA	V
13:00 - 14:00	Break/Almuerzo			
14:00 - 14:20	Edwin David Castañeda Cadena	La cobertura vegetal como factor determinante en la estructura comunitaria de los Lepidópteros diurnos (Lepidoptera: Papilionoidea) asociados al bosque húmedo tropical (Tolima, Colombia).	EC	V
14:20 - 14:40	Jiichiro Yoshimoto	Fauna y fenología de mariposas diurnas de bosques secos de Guatemala	EC	P
14:40 - 15:00	Quebin Bosbely Casiá Ajché	Influencia del contexto ambiental en la estructura de las interacciones planta-abeja en tres ecosistemas de Guatemala.	EC	P
15:00 - 16:00	Clausura			

Sesión de Pósters: Viernes 25.08.2023

Andrid Ramírez	Genética del paisaje de <i>Chlorospingus flavopectus</i> en el norte de Centroamérica
Dara Sofía Ortiz Casillas	Diversidad De Lepidópteros En Bosque Húmedo Subtropical Al Norte De Puerto Rico
Ana Lucía Interiano Pérez	La intensidad de la interacción no predice el traslape de las áreas de distribución entre las hormigas soldado y las aves seguidoras de hormigas
Jonathan Alfredo López Colón	Identificación de hábitats idóneos para la conservación de una leguminosa en peligro de extinción en el norte de Puerto Rico: Un enfoque basado en modelos Maxent para su reintroducción y recuperación de hábitat.
Jorge Cruz Nicolás	Evidencia de señal filogenética en tolerancias climáticas y rasgos morfológicos en dos géneros de Pinaceae que diversificaron en Mesoamérica
Lester Isaac Fonseca Gonzalez	Avifauna en un territorio azonal en el pacífico de Nicaragua (Parte alta de la cuenca sur de Managua)
Carlos André Chúa Velásquez	El rol del sistema de fallas Motagua – Jocotán – Polochic en la diversificación genética de cuatro especies de aves de montaña en Centroamérica Nuclear.
Wendy María Barillas Hernandez	El ciclo de vida de cuatro especies de moscas de la familia Calliphoridae (Diptera), como herramienta para la aplicación de la entomología forense en Guatemala
Raquel Alvarado-Larios	La taxonomía integrativa al rescate del roedor más problemático: el caso del género <i>Ctenomys</i> Thomas, 1898

Resúmenes de charlas

La respuesta evolutiva a los fármacos mutagénicos en el virus de la gripe A depende de su bagaje genético

Ana Y. Morales-Arce^{1,2,3}, Filipe Ferreira³, Adamandia Kapopoulou^{1,2}, Maria Joao Amorim³, and Claudia Bank^{1,2,3}

¹ Institute of Ecology and Evolution, University of Bern, Bern, Switzerland

² SIB, Swiss Institute of Bioinformatics, Lausanne, Switzerland

³ Instituto Gulbenkian de Ciencia, Oeiras, Portugal

Favipiravir es un fármaco mutagénico utilizado para tratar infecciones virales como la influenza. Dicho fármaco induce a la extinción las poblaciones virales porque aumenta eficazmente el número de mutaciones, que por azar serán en su mayoría deletéreas, en el genoma del virus. A este proceso también se le conoce como colapso mutacional. Hasta ahora, solo un estudio ha reportado resistencia al favipiravir; sin embargo, se desconoce el papel del bagaje genético del virus en resistencia, es decir, su respuesta evolutiva. Para explorar el efecto del bagaje genético en la resistencia, diseñamos un enfoque experimental exponiendo a favipiravir el virus de la gripe in vitro. A partir de una sepa creamos cuatro sepas más introduciendo cambios de nucleótidos asociados a la resistencia. Se incluyeron el virus de tipo silvestre susceptible y otro defectuoso como controles, y los cultivamos tres veces (tres réplicas) por cepa en presencia y ausencia de favipiravir, se dejaron crecer por 48 horas y luego se transfirieron a cultivos frescos (pasaje), repitiendo el proceso diez veces, muestreando y secuenciando cada pasaje. Observamos que la mayoría de las poblaciones virales se extinguieron antes del final del experimento. Solamente una réplica con mutaciones resistentes sobrevivió al tratamiento, mientras que la mayoría se extinguieron en el sexto pasaje. El virus defectuoso utilizado como control sobrevivió más tiempo que el de tipo salvaje e incluso más que algunos virus resistentes. Estimamos un gran tamaño efectivo de población en la población superviviente. Se observó un número estable de mutaciones segregantes a lo largo del experimento, pero el número de transiciones aumentó en las cepas susceptibles. Examinamos la cepa superviviente en busca de mutaciones resistentes nuevas, suscitadas durante el pasaje, y encontramos dos mutaciones candidatas en la réplica superviviente. Volvimos a crear estas nuevas cepas y probamos que fueron mutaciones de rescate de la extinción. Concluimos que el bagaje genético es importante para la extinción de poblaciones virales bajo la presión de fármacos mutagénicos.

La diversidad de virus en los murciélagos del mundo: implicaciones zoonóticas y coevolución

Wenceslao Parrilla Martínez¹, Luis Manuel Guevara Chumacero¹, Ricardo López Wilchis¹, Miguel Ángel León Tapia²

¹Departamento de Biología, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa

²Departamento de Zoología del Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México

Los murciélagos albergan una amplia diversidad de virus, considerándolos como el orden de mamíferos con la mayor cantidad de virus hospedados, y hasta el momento se han identificado alrededor de 4,100 virus pertenecientes a más de 60 familias virales, algunos de ellos con implicaciones zoonóticas como el virus del Nipah, Rabia, Ébola y los Coronavirus relacionados con el síndrome respiratorio agudo severo (SARS). La presencia de virus en los murciélagos no representa riesgo alguno para ellos debido a su potente sistema inmunológico y las interacciones que ha desarrollado a lo largo del tiempo con los virus desde hace millones de años. Por lo que se ha sugerido que algunos virus o familias virales han coevolucionado a lo largo del tiempo y existen afinidades filogenéticas. Para identificar posibles patrones filogenéticos entre familias virales y murciélagos, presentamos datos de presencia o ausencia de 34 familias virales detectadas en 474 especies de murciélagos a nivel mundial y un análisis de señal filogenética, recopilados de 1,738 estudios publicados entre 1990 y 2021. Los resultados revelan que 25 (73%) familias virales presentan valores de señal filogenética que van de 0.0004 a 1. Destacando a Rhabdoviridae, Hantaviridae, Asfarviridae y Carmotetraviridae como las familias virales con valores altos de señal filogenética. Por otro lado, la familia de Vespertilionidae (murciélagos) presentó el mayor número de especies detectadas con algún virus con 163 y el género *Myotis* la de mayor diversidad de especies con 63 y alberga 26 familias virales, sin embargo, a nivel especie el murciélago grande de herradura (*Rhinolophus ferrumequinum*) hospeda la mayor cantidad de familias virales con 22. Estos datos sugieren que la mayoría de las familias virales presentan patrones de afinidad filogenética con los murciélagos y que entre mayor sea la diversidad de especies en una familia o género de murciélago mayor es la probabilidad de albergar virus, sobre todo si se distribuyen en los trópicos.

Procesos estocásticos y cambios en la tasa evolutiva implicados en la diversificación de un linaje de pinos duros tropicales (*Pinus*).

Jorge Cruz-Nicolás¹, Juan Pablo Jaramillo-Correa² y David S. Gernandt¹

¹Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, CDMX 04510, México. ²Departamento de Ecología evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, CDMX 04510, México

El estudio de los patrones de diversidad genética y evolución molecular entre especies cercanamente emparentadas es clave para entender las fuerzas evolutivas implicadas en la diversificación de linajes. Este punto es un gran reto en especies con lentas tasas evolutivas, largos ciclos generacionales, y elevada retención de polimorfismos ancestrales como las coníferas. Bajo la premisa de divergencia paso a paso durante la migración, se esperan patrones geográficos de diversidad genética, eficiencia de la selección purificadora, y estructura genética. Si esta migración va acompañada por cambios en el ambiente, además se espera que la selección positiva este implicada en la diversificación. Aquí, se infirieron los patrones de diversidad genética en pinos duros (*Pinus* subgénero *Pinus* sección *Trifoliae*) que migraron de Norteamérica hacia Mesoamérica. También, bajo la premisa de diferencias en presiones selectivas, se buscaron señales de selección positiva. Para probar estas hipótesis, se estimaron diferentes métricas de diversidad genética incluyendo el tamaño efectivo de población, la eficiencia de la selección purificadora y rasgos morfológicos de acículas en un linaje de pinos duros de Norteamérica, el Caribe, México y Centroamérica, con 161 genes nucleares (~ 71 000 pares de bases), y correlacionamos estas métricas con la geografía. Después, se infirió la estructura genética, y diferencias ambientales entre especies, para probar posibles señales de selección positiva con métodos filogenéticos en grupos específicos. Se encontraron relaciones entre geografía y las métricas de diversidad genética, con menor diversidad genética y mayor diferenciación genética en especies de México y Centroamérica en comparación con pinos de Norteamérica. También se encontraron diferencias ambientales relativas a con la distancia geográfica sugiriendo presiones selectivas contrastantes y patrones clinales en el largo de la acícula. Finalmente, se encontró que la mayoría de los genes analizados está bajo selección purificadora, pero encontramos casos excepcionales de cambio en la tasa evolutiva en algunas especies de pinos, sugiriendo la posible acción de selección positiva en la divergencia. Nuestro estudio indica que los procesos estocásticos han jugado un papel clave en la diversificación del grupo, con una posible mediación de la selección positiva en pinos de México y Centroamérica.

Palabras clave: gradientes, México, morfología, selección positiva, selección purificadora.

Variación en el crecimiento de un tricóptero fragmentador de hojas pantropical (Trichoptera: Phylloicus) al contenido de N-P de hojarasca.

Pavel García^{1,2} & Robert Hall³

¹Escuela de Biología, Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala

²Ecology and Evolution Program, University of Montana, United States of America

³Flathead Lake Biological Station, University of Montana, United States of America

Los insectos acuáticos fragmentadores de hojas tienen baja diversidad en los arroyos tropicales con respecto a los arroyos templados, con patrones similares en los gradientes de elevación. Se ha hipotetizado que la baja diversidad en los arroyos tropicales se debe a la predominancia de hojarasca de baja calidad. Evaluamos dos conjuntos de predicciones derivadas de esta hipótesis dado que la disponibilidad de nutrientes y la temperatura determinan la productividad de un sistema a través de controlar el metabolismo de los organismos, abundancia, productividad de los ecosistemas y riqueza de especies. Primero, evaluamos la variación en la relación entre la tasa de crecimiento de los fragmentadores y su tamaño inicial con respecto a la calidad de la hojarasca y la temperatura del agua, esperando que la tasa de crecimiento de los fragmentadores disminuyera más rápidamente cuando se alimenta con hojarasca de baja calidad a mayor temperatura del agua. Segundo, cuantificamos el desbalance en N y P entre los tejidos de insectos y hojarasca de dos calidades nutricionales, esperando que el desbalance fuera mayor con hojarasca de baja calidad. Además, pusimos a prueba el supuesto de que la colonización de la hojarasca por bacterias y hongos disminuye el desbalance nutricional. Estas predicciones las pusimos a prueba estimando las tasas de crecimiento de larvas de *Phylloicus*, un tricóptero de distribución pantropical, que fueron alimentadas con dos contrastantes calidades de hojarasca de especies neotropicales. La alimentación las realizamos dentro de cámaras de crecimiento que colocamos en dos arroyos, en el norte de Centro América, con una diferencia de temperatura de 10°C. Las larvas de *Phylloicus* crecieron independientemente de la especie de hojarasca usada de alimento, a pesar de que ninguna de las dos hojarascas cubrieron los requerimientos estioquiométricos de N y P. Como se esperaba, las tasas de crecimiento disminuyeron a medida que los tamaños iniciales de las larvas se incrementaron, sin embargo la tasa de crecimiento se desaceleró más con la hojarasca de menor calidad en el arroyo de mayor temperatura. En sumatoria, el crecimiento de los fragmentadores, como *Phylloicus*, enfrentan potencialmente limitación de N-P en los trópicos si la baja calidad de la hojarasca es predominante. Esto último ayudaría a comprender como se relaciona la baja diversidad de insectos fragmentadores en los arroyos tropicales con la disponibilidad de baja calidad de la hojarasca.

Genética poblacional del Cangrejo Herradura Americano, *Limulus polyphemus*, a través de su distribución en la Península de Yucatán, México. Implicaciones para su manejo y conservación.

García-Enríquez, José Manuel¹, Machkour-M'Rabet, Salima, Rosas-Correa, Carmen Olivia, Hénaut, Yann y Carrillo, Laura.

¹Laboratorio de Ecología Molecular y Conservación, Departamento de Conservación de la Biodiversidad, El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR), Avenida Centenario Km 5.5, AP 424, 77014 Chetumal, Quintana Roo, México. ORCID: 0000-0002-3540-0974

El Cangrejo Herradura Americano, *Limulus polyphemus*, especie considerada un relicto filogenético, ha sido ampliamente investigada en su distribución en los Estados Unidos debido a su relevancia en la industria pesquera y biomédica. Sin embargo, existe poca información acerca del estado genético de las poblaciones mexicanas, lo cual es relevante en términos de la conservación de esta especie en peligro de extinción. En este proyecto, a partir de marcadores moleculares de origen nuclear (microsatélites), evaluamos la diversidad y la estructura genética de *L. polyphemus* en diferentes localidades de su distribución mexicana en la Península de Yucatán. Se analizaron un total de 103 individuos de cuatro localidades mexicanas correspondientes al Golfo de México (Champotón y Ría Celestún), la costa norte de Yucatán (Yum Balam) y la costa del Caribe (Sian Ka'an). Nuestros resultados mostraron valores bajos a moderados en distintos parámetros de diversidad genética y posibles procesos de endogamia en dos localidades situadas en los extremos de la distribución mexicana (Champotón y Sian Ka'an). También detectamos una fuerte estructuración genética consistente en la presencia de dos grupos genéticos, uno abarcando a las localidades de Ría Celestún, Yum Balam y Sian Ka'an, y el otro correspondiente a Champotón, la población más aislada en el sur del Golfo de México. Estos patrones de diversidad genética podrían estar relacionados con actividades antropogénicas (contaminación, pesca ilegal) que han impactado a estas poblaciones durante décadas, resultando en un decremento en sus poblaciones. La estructura genética observada parece estar relacionada con los hábitos de dispersión intrínsecos de esta especie y con los patrones de circulación de la plataforma de Yucatán y el Banco de Campeche. Nuestros resultados destacan la existencia de dos unidades de manejo que deberían ser consideradas en las propuestas de manejo y las estrategias de conservación para esta especie, especialmente en aquellas localidades que presentan un riesgo crítico.

Traslape de nicho? Ecología y morfología de especies simpátricas de *Rocio* (Teleostei: Cichlidae) en Guatemala

César E. Fuentes-Montejo^{1,2,3}, Windsor Aguirre¹, Diego J. Elías², Christian Barrientos⁴, Caleb D. McMahan²

¹Department of Biological Sciences, DePaul University, Chicago IL 60614, USA

²Field Museum of Natural History, Chicago IL 60605, USA

³ Dirección actual: Department of Biological Sciences, University of Illinois Chicago, Chicago IL 60607, USA

⁴Mesoamerican and West Caribbean Marine Conservation Program, Wildlife Conservation Society, Belize City, Belize

Rocio es un género pequeño de peces dulceacuícolas neotropicales distribuido en cuencas del Atlántico del norte de América Media. Dos especies en el género exhiben simpatría en la cuenca del Lago Izabal- Río Dulce en el este de Guatemala. *Rocio spinosissima* es endémica en la cuenca del Lago Izabal-Río Dulce, mientras que *R. octofasciata* posee un rango de distribución geográfica más amplio, en donde se incluye esta cuenca. Desafortunadamente, la ecología de estas especies ha sido pobremente estudiada. Nosotros buscamos explorar la variación ecológica y morfológica presentada en estas dos especies simpátricas cercanamente relacionadas de peces dulceacuícolas, y determinar cuáles son sus diferencias. Hipotetizamos que *R. octofasciata* exhibiría mayor variación ecológica y morfológica, mostrando traslape con *R. spinosissima*. También hipotetizamos que la divergencia morfológica estaría asociada al desplazamiento de caracteres. Una combinación de exploraciones de campo, análisis de especímenes preservados en colecciones científicas previamente colectados, y modelos de nicho ecológico nos ayudaron tener un mejor entendimiento sobre las diferencias de hábitat y características ambientales, así como la variación en forma de cuerpo. Los datos ambientales a escala fina sugieren que las características del hábitat se traslapan entre ambas especies, habitando ambientes lenticos, con *R. spinosissima* utilizando cuerpos de agua más angostos y con poca cobertura de dosel, y *R. octofasciata* habitando áreas con un mayor rango de características ambientales. Los datos a escala de cuenca indican que la cobertura del suelo, hidrología, precipitación, y temperatura definen la distribución de ambas especies a grandes rasgos, con claras diferencias. Adicionalmente, la forma promedio del cuerpo difiere entre especímenes de las dos especies cuando se encuentran en simpatría, mientras que especímenes de afuera del área de simpatría tienden a tener características de forma corporal similar entre ambas especies, siguiendo un patrón parecido al del desplazamiento de caracteres.

El efecto del calentamiento sobre la microbiota de la piel durante el desarrollo de *Dryophytes arenicolor*: una visión de cambio climático

Alberto H. Orta^{1,2}, Cristian Hernández Herrera³, Hibraim Pérez Mendoza³, Eria A. Rebollar²

¹Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.; ²Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Morelos, México.; ³Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Estado de México, México

Durante los últimos 100 años el clima de la Tierra ha aumentado alrededor de 0.6°C aumentando ligeramente la temperatura máxima diaria y drásticamente la temperatura mínima diaria (Walther et al., 2004). No obstante, el calentamiento global ha tenido diferentes afectaciones en los organismos, en específico, los animales ectotérmicos como los insectos, reptiles y anfibios han sido mayormente perjudicados (Deutsch et al., 2008). Estudios recientes han demostrado que las interacciones entre los animales y plantas con sus microorganismos asociados son muy relevantes para el hospedero; a lo que se le conoce como microbiota (Konopka, 2009). Estas comunidades microbianas influyen de distintas formas sobre la biología del hospedero, por ejemplo, promoviendo la maduración del sistema inmune, protegiendo al hospedero contra patógenos (Esser et al., 2018). De este modo, alteraciones en la microbiota a causa del cambio climático podrían repercutir negativamente en los hospederos (Li et al., 2020). **Objetivo.** Analizar, mediante un estudio experimental, los cambios en la diversidad y estructura de la microbiota simbiote de la piel en respuesta a un aumento en la temperatura ambiental durante el desarrollo de *D. arenicolor*. **Métodos.** Se colectaron renacuajos de *D. arenicolor* en Tepetzotlán, Estado de México, México para realizar el estudio experimental que constó de dos tratamientos de calentamiento (a 25 y 29 °C) y un control (temperatura ambiental – 18-20 °C). Para cada tratamiento se consideraron 5 replicas con 20 individuos cada una. Se tomaron hisopados de la piel de tres individuos al azar por cada replica de cada tratamiento en tres etapas de desarrollo: (1) renacuajo, (2) metamorfo y (3) sub-adulto. Se extrajo DNA de los hisopos y amplificó vía PCR del gen 16S rRNA para las comunidades bacterianas y del gen ITS1 para las comunidades fúngicas para analizar la microbiota mediante metabarcoding. Finalmente, se procesaron las secuencias en QIIME2 y analizaron los datos utilizando distintas métricas de diversidad y estructura en R. **Resultados.** La diversidad alfa se vio afectada tanto por el calentamiento como por la etapa de desarrollo del anfibio en ambas comunidades microbianas. De acuerdo con el modelo múltiple, la riqueza en la comunidad bacteriana se vio más influenciada por la etapa de desarrollo de la rana que por el efecto de los tratamientos, sin embargo, al tomar en cuenta la abundancia relativa con la diversidad de Shannon el modelo múltiple estableció que hay una interacción significativa entre la etapa de desarrollo y el tratamiento. La estructura de la comunidad fúngica y bacteriana de acuerdo en base a una matriz de distancia de Bray-Curtis varió significativamente entre el tipo de muestra (PERMANOVA, $P < 0.05$) y en la interacción del tratamiento y el estado de desarrollo (PERMANOVA, $P < 0.05$). **Conclusión.** El calentamiento bajo un contexto de cambio climático genera cambios en la diversidad y estructura de la microbiota asociada a la piel de la rana, y, estos cambios son diferenciales y depende del estado de desarrollo.

Cuando el río suena, manatíes trae: detección del manatí y caracterización del hábitat en aguas oscuras del Caribe de Guatemala.

Ana Lucía Escobar Cifuentes¹; Maria de Belen Chacón Paz¹; Mildred Fabiola Corona Figueroa^{2,3}

¹Universidad de San Carlos de Guatemala (USAC); ²El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR), Unidad Unidad Chetumal; ³Centro de Datos para la Conservación (CDC), Centro de Estudios Conservacionistas (CECON), USAC. esc.cif@gmail.com, belenchacon1998@gmail.com, fabilogica.corona@gmail.com

En Guatemala, el manatí antillano habita en el Lago de Izabal, Río Dulce, Río Sarstún y en las costas del Caribe. Actualmente, no existen estudios sobre el manatí realizados en los ríos tributarios del Lago de Izabal y Río Dulce, los cuales pueden brindar condiciones heterogéneas favorables para su presencia. El objetivo del estudio fue determinar la presencia de manatíes y caracterizar su hábitat en ríos de aguas oscuras del Caribe de Guatemala. Se realizaron recorridos acuáticos de agosto a noviembre de 2022 en los ríos Oscuro, Lagartos, Ciénega, Chocón Machacas y Sarstún, dentro de las áreas protegidas Refugio de Vida Silvestre Bocas del Polochic, Parque Nacional Río Dulce, Biotopo Universitario Chocón Machacas y Área de Usos Múltiples Río Sarstún, mediante transectos entre seis y quince kilómetros de longitud. Se utilizó una metodología mixta para la detección de manatíes, que incluía el uso de un sonar de barrido lateral (SBL), avistamiento directo y registro indirecto de su presencia. Se midieron variables fisicoquímicas y antropogénicas en cada río. El esfuerzo de muestreo fue de 84 horas; el índice de abundancia relativa (IAR = manatíes/km) fue mayor en los ríos Sarstún y Lagartos, siendo 0.37 y 0.38, respectivamente. Según los GLM realizados, se obtuvo que los modelos que mejor explican la presencia de manatíes en todos los ríos son la cantidad de lanchas con motor y sin motor. En cambio, el modelo que mejor explica la cantidad de detecciones de manatíes en todos los ríos es la profundidad, conductividad y cantidad de lanchas con motor y sin motor. De las variables mencionadas, únicamente la conductividad mostró variación entre los meses de muestreo. Sin embargo, se encontró asociación entre la presencia de manatíes y temperaturas medias del agua (25.9°C a 28.4°C). Asimismo, se encontró asociación entre la presencia de manatíes y la cantidad alta de lanchas sin motor (9 a 12 lanchas). En la mayoría de ríos fue constante la presencia de embarcaciones en todos los meses de muestreo, principalmente en las desembocaduras de los mismos. La mayoría de estos están relacionados con las actividades económicas, tal como la pesca y el transporte. En campo se observó que en los ríos Oscuro y Lagartos el arte de pesca más utilizado eran las redes de arrastre. Mientras que el río Sarstún, se caracterizó mayormente por la pesca con atarrayas y anzuelos. El tipo de fondo en todos los ríos en su mayoría es arenoso con presencia de vegetación sumergida y dispersa, la vegetación flotante y de las orillas es abundante; el bosque latifoliado y humedal con bosque es el principal tipo de uso de suelo circundante. Los resultados indican que los manatíes usan los ríos tributarios del Lago de Izabal, Río Dulce y el Caribe, lo cual podría deberse principalmente a las condiciones de temperatura, profundidad de los ríos y vegetación. Se considera que la alta influencia antropogénica podría estar afectando la presencia de la especie, principalmente el tráfico de embarcaciones y el uso de redes de

pesca. Se recomienda fortalecer las actividades de manejo y vigilancia en las áreas protegidas.

Palabras clave: Sirenia, Conservación, Perturbación, Sonar de barrido lateral, Vaca marina

Agencia Financiadora/Patrocinio/Apoyo: Idea Wild Foundation, IUCN Species Survival

Commission, Panacetacea, Fundación Defensores de la Naturaleza, FUNDAECO, Consejo Nacional de Áreas Protegidas - CONAP-, Centro de Estudios Conservacionistas - CECON-, Autoridad para el Manejo Sustentable de la Cuenca del Lago de Izabal y Río Dulce -AMASURLI-.

Sistemática molecular del complejo *Awaous banana* (Gobios de río; Teleostei: Oxudercidae)

Caleb D. McMahan, Diego J. Elías, Yue Li, Omár Domínguez-Domínguez, Sheila Rodríguez-Machado, Alejandra Morales-Cabrera, Diana Velásquez-Ramírez, Kyle R. Piller, Prosanta Chakrabarty, Wilfredo A. Matamoros

Los peces diádromos pueden presentar interesantes patrones evolutivos y a nivel de población, debido a su uso de ambientes de agua dulce y marinos como parte de su historia de vida. El género *Awaous* (gobios de río) son miembros prominentes de las ictiofaunas fluviales y se encuentran en las vertientes atlántica y pacífica de las Américas, desde el sur de Estados Unidos hasta Ecuador y Brasil. En esta publicación analizamos el complejo de gobios, ampliamente distribuido y polimórfico, para evaluar los patrones filogeográficos y establecer si la evidencia molecular respalda la hipótesis que todas las poblaciones del complejo en las Américas pertenecen a la misma especie. El análisis de datos de secuencias basado en el gen mitocondrial citocromo oxidasa I mostró múltiples clados dentro de las cuencas atlántica y pacífica, que corresponden a especies previamente descritas. Además, el análisis de haplotipos evidenció redes únicas e independientes entre estas especies. Dentro de estos clados, documentamos patrones biogeográficos que son congruentes con los resultados de otras especies diádromas que coexisten, así como un patrón biogeográfico novedoso para la región. Nuestros resultados respaldan el reconocimiento de especies distintas de *Awaous* en las cuencas atlántica (*A. banana* y *A. tajasica*) y pacífica (*A. transandeanus*). Estos resultados concuerdan con caracteres morfológicos previamente establecidos que permiten la separación de estas especies.

Revolver la baraja: Dinámica de transposones en una pequeña población aislada de aves

Sergio González-Mollinedo¹, Alexandra Sparks², Terry Burke³, Jan Komdeur¹, David Richardson⁴, Hannah Dugdale¹

¹Groningen Institute for Evolutionary Life Sciences, University of Groningen, 9712 CP, Groningen, The Netherlands

²Faculty of Biological Sciences, School of Biology, University of Leeds, Leeds LS2 9JT, U.K

³School of Biosciences, University of Sheffield, Sheffield, S10 2TN, United Kingdom

⁴School of Biological Sciences, University of East Anglia, Norwich NR4 7TJ, United Kingdom

La genómica para la conservación se ha enfocado en medir la diversidad genética existente para reconstruir la historia demográfica y medir la evolvabilidad de poblaciones amenazadas, usualmente pequeñas y aisladas. Sin embargo, la evolvabilidad y la variación estructural del genoma se ha estudiado poco en este tipo de poblaciones. Los transposons pueden tener dinámicas especialmente importantes, ya que son fuentes de variabilidad genética y evolución rápida, pero un aumento en su actividad también puede representar un riesgo para la expresión genética, al afectar o movilizar regiones reguladoras o incluso secuencias que codifican para proteínas de importancia. Este aumento en la actividad de transposones en poblaciones reducidas puede relacionarse a la reducción en la capacidad de suprimir su expresión debido a la erosión de la diversidad de secuencias de ARN que interactúa con proteínas PIWI (ARNpi) o debido a la endogamia y la deriva genética, así como otros efectos fisiológicos que puedan existir debido a la depresión endogámica. En este estudio, exploramos secuencias genómicas de 157 individuos del ‘Ti Merl de Zil (o Seychelles warbler, *Acrocephalus sechellensis*) para explorar la tasa de inserción de transposones. Logramos cuantificar el contenido de transposones de los individuos seleccionados y comparamos entre grupos de padres e hijos para determinar la transmisión intergeneracional de estos elementos. Corrimos modelos lineales mixtos para determinar los efectos de los coeficientes de endogamia de ambos padres y del individuo focal, la estructura social de los territorios, y del clima durante los años en donde nacieron los padres y el individuo focal.

Relaciones filogenéticas entre poblaciones de *Bolitoglossa helmrichi* (Caudata:Plethodontidae) de las Verapaces y Quiché, Guatemala

Jimena García

Las salamandras son anfibios que se encuentran restringidos a condiciones ambientales muy específicas, lo que propicia su aislamiento al presentarse barreras biogeográficas y así, su diferenciación genética. Guatemala posee distintos riscos montañosos que se encuentran aislados entre sí al estar a altas altitudes. En estos se encuentran los bosques nubosos, que son uno de los hábitats principales de la mayoría de las salamandras. *Bolitoglossa helmrichi* se cree que es un complejo de especies distribuidas a lo largo de las Verapaces y Quiché, Guatemala. El objetivo del estudio fue reconstruir las relaciones filogenéticas de poblaciones de *B. helmrichi* de Alta Verapaz, Baja Verapaz y Quiché, Guatemala a partir del gen nuclear POMC. Se realizaron árboles filogenéticos de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones y de inferencia bayesiana con 100,000,000 de iteraciones. Los árboles presentaron una topología similar en las que a los distintos individuos de las poblaciones los posicionaron en ramificaciones similares. Sin embargo, los nodos de dichas ramificaciones no tuvieron los valores de soporte necesarios para cada método para asegurar su confiabilidad. La reconstrucción filogenética no demostró relaciones claras entre las poblaciones de *B. helmrichi*. Parte de este resultado se pudo deber a la limitada disponibilidad de secuencias de *Bolitoglossa* spp. para el gen POMC ya que, no se encontraron para *B. helmrichi* ni *B. cuchumatana*, el grupo hermano de *B. helmrichi*. Se recomienda que se secuencien individuos de *B. cuchumatana* para el gen POMC y se aumente el número de muestras de *B. helmrichi* para Baja Verapaz y Quiché.

Mirar al futuro para conservar: los anfibios de los bosques secos de mesoamérica *vs.* El cambio climático global

Daniela Remolina Figueroa^{1,2†}, Sebastián Hernández de la Fuente² & David A. Prieto-Torres^{2*}

1. Posgrado de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México.

2. Laboratorio de Biodiversidad y Cambio Global. Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, 54090, Tlalnepantla, Estado de México, México.

† **Ponente**

* **Autor de correspondencia:** davidprietorres@iztacala.unam.mx

El cambio climático global representa una de las mayores amenazas para la biodiversidad del planeta, especialmente para grupos altamente vulnerables y escasamente protegidos como los anfibios. Por ello, analizar los potenciales impactos del cambio climático en las distribuciones, abundancias, interacciones ecológicas y riesgos de extinción de las diferentes especies representa un importante primer paso para desarrollar estrategias eficaces de conservación a largo plazo. En Mesoamérica, los bosques secos tropicales son considerados uno de los ecosistemas de mayor riqueza y endemismo de especies, pero a su vez son de los más amenazados y menos protegidos en la región. Además, los patrones de distribución de numerosos taxones animales presentes en estos bosques aún permanecen poco estudiados. En este estudio, utilizando el enfoque de modelos de nicho ecológico y distribución de especies, se caracterizaron los patrones de distribución de 154 especies de anfibios presentes en los bosques secos de Mesoamérica y se evaluó cómo estos patrones podrían verse afectados bajo escenarios futuros de cambio climático global. Para cada especie, se calculó la proporción de cambio (ganancia y/o pérdida) en las áreas de distribución considerando dos hipótesis alternativas de dispersión (“contigua” *vs.* “no dispersión”) para los taxones y un escenario intermedio (SSP3 7.0) de emisiones de efecto invernadero en los años 2040 y 2070. Para cada escenario, se determinó la proporción de áreas de distribución de las especies dentro del actual de sistema de Áreas Naturales Protegidas (ANPs) de la región. En promedio, el área de distribución actual para las especies fue de $193,384 \pm 207,299 \text{ km}^2$ en Mesoamérica, con un $39.0 \pm 22.5\%$ de esta superficie asociada a los bosques secos tropicales. Las proyecciones climáticas a futuro sugieren, incluso en condiciones favorables de dispersión para los taxones, impactos negativos (con reducciones de $55.6 \pm 35.1\%$ [2040] y de $61.6 \pm 33.0\%$ [2070]) en las áreas de distribución potencial para un 55.2% de las especies. Estos cambios se relacionaron principalmente con aumentos para los valores de temperatura (en promedio $>1.5 \text{ }^{\circ}\text{C}$). Además, se estima una reducción (en promedio de $2.0 \pm 1.8 \text{ spp./sitio}$) en la riqueza de especies para el 27.0% de las áreas. De hecho, se obtuvieron potenciales escenarios de extinción para al menos 22 especies de anfibios, lo cual podría implicar a su vez cambios en la estructura y composición de las comunidades de anfibios de los bosques secos de la región. Por otra parte, un 61.1% de las especies analizadas mostraron posibles reducciones (en promedio $54.1 \pm 34.4\%$) de sus áreas de distribución actualmente protegidas dentro de los bosques secos en Mesoamérica. Por tanto, son necesarias medidas urgentes que contribuyan a maximizar la representatividad y protección a largo plazo. Estos resultados representan una información valiosa sobre especies y áreas altamente vulnerables a los

impactos del cambio climático global futuro, la cual podría guiar la toma de decisiones enfocadas a reducir los riesgos de extinción a corto, mediano y largo plazo de este importante componente de la biodiversidad.

Palabras clave: Anfibios, biodiversidad, bosques tropicales, calentamiento global, conservación.

Exploración de la influencia de factores ambientales y la filogenia del hospedero en la diversidad microbiana de la piel de las salamandras

González-Serrano FM^{1, †}, Ramírez-Barahona S^{2, †}, Martínez-Ugalde E², Soto-Pozos A^{2,3}, Parra-Olea G³, Rebollar EA², * e-mail: pacomax1994@gmail.com

¹ Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, México

² Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México

³ Departamento de Zoología, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México

[†] Estos autores contribuyeron igualmente en este trabajo.

Múltiples factores moldean a los microbiomas, algunos de ellos son ambientales mientras que otros son intrínsecos de sus hospederos. Estos pueden actuar a diferentes escalas dentro de un espacio físico y temporal. El microbioma cutáneo de las salamandras ha sido mayormente estudiado debido a su susceptibilidad a infecciones fúngicas. Sin embargo, en un contexto ecológico y evolutivo aún queda mucho por entender. En el presente trabajo, recopilamos y generamos datos de secuenciación de amplicones de 16S de la microbiota cutánea de 1,091 salamandras adultas abarcando un total de 41 especies distribuidas en diferentes lugares del mundo. Obtuvimos variables ambientales asociadas a los sitios de muestreo y marcadores filogenéticos de los hospederos anfibios. Con estos datos analizamos la contribución del entorno de los huéspedes y la historia evolutiva de estos con respecto a la diversidad y composición de las bacterias de su piel. Encontramos que el tipo de hábitat está estrechamente relacionado con la riqueza bacteriana, la cual, en salamandras terrestres es mayor. Mientras que, en el caso de la composición bacteriana, la taxonomía y filogenia del hospedero tienen mayor peso. Nuestros resultados sustentan que además de los factores ambientales, la historia evolutiva de los hospederos influye en la diversidad bacteriana de la microbiota cutánea.

Colibríes del género *Lampornis* resaltan la complejidad biogeográfica de América Central Nuclear

Rosa Alicia Jiménez^{1,2,3}, Zachary R. Hanna^{2,3}, María Fernanda Asturias¹, and Rauri C. K. Bowie^{2,3}

¹Escuela de Biología, Universidad de San Carlos de Guatemala, Ciudad Universitaria Zona 12, Guatemala

²Museum of Vertebrate Zoology, University of California, Berkeley, California, USA

³Department of Integrative Biology, University of California, Berkeley, California, USA

La biodiversidad terrestre está distribuida de manera heterogénea con un tercio de las especies globales habitando en el Neotrópico. La investigación de especies neotropicales identifica a la especiación alopátrica y a los ciclos glaciales del Pleistoceno como motores detrás de tan alta biodiversidad. Específicamente en América Central, se suman el intercambio biótico americano y la diversificación in situ como procesos que contribuyen con la alta biodiversidad regional. La diversificación in situ en América Central es promovida por barreras geográficas que reducen la dispersión; por ejemplo, el Istmo de Tehuantepec y la Depresión de Nicaragua delimitan la región conocida como América Central Nuclear (ACN) y representan valles que reducen la dispersión de especies de montaña propiciando el endemismo. Los procesos de diversificación que actúan dentro de ACN han sido escasamente estudiados, los estudios existentes incluyen muestras con baja representación geográfica y generalmente están basados en información genética mitocondrial. Nuestro objetivo es contribuir a la comprensión de la biogeografía de ACN a través del estudio de la variación genética mitocondrial y nuclear y cómo esa variación se relaciona con características geográficas, topográficas y climáticas. Estudiamos dos especies de colibríes que son endémicas de ACN, *Lampornis viridipallens* y *L. sybilla*, integrando análisis de filogeografía, genética del paisaje y modelado de nicho ecológico. Nuestro trabajo revela que procesos históricos y contemporáneos han promovido la diversificación in situ dentro de ACN. Datos mitocondriales y de microsatélites indican que *L. viridipallens* y *L. sybilla* divergieron en alopatría durante el Pleistoceno temprano a ambos lados de la Depresión de Honduras. Esta divergencia fue acompañada o seguida por divergencia del nicho ecológico. Dentro de *L. viridipallens*, los datos genéticos indican que el lado este del Sistema de Fallas Motagua-Polochic-Jocotán representa una barrera a la dispersión y al flujo génico, mientras que en el oeste y en el centro es permeable. De esta manera, nuestro estudio es el primero en evidenciar que Motagua-Polochic-Jocotán no es una barrera homogénea en toda su extensión. Además, nuestros hallazgos ejemplifican que los muestreos geográficamente exhaustivos y detallados son necesarios para comprender la complejidad biogeográfica de ACN, así como los procesos evolutivos y ecológicos que han conducido a tan notable y alta biodiversidad.

Factores antrópicos y ambientales asociados a la composición de roedores y murciélagos en un gradiente de conservación en la península de Yucatán, México

Nastienka Yael Pérez Jiménez¹, Ella Vázquez Domínguez¹

¹Instituto de Ecología, UNAM; nastienka@ieecologia.unam.mx

La península de Yucatán comprende los estados de Campeche, Yucatán y Quintana Roo en México, la cual posee una gran diversidad de especies y alberga la segunda selva tropical más grande de América. A pesar de su importancia biológica, la región está sujeta a elevadas tasas de deforestación y degradación de hábitat, principalmente para fines agrícolas y ganaderos. El impacto de dichas perturbaciones sobre las comunidades de roedores y murciélagos depende del grado de afectación del hábitat, así como de los requerimientos ecológicos, la vagilidad y la capacidad adaptativa de las especies. Nuestro objetivo fue identificar qué factores antrópicos y variables del paisaje y ambientales se asocian con la composición taxonómica y funcional de ambas comunidades, en un gradiente de conservación en la península de Yucatán. Para ello, realizamos muestreos de roedores y murciélagos (Phyllostomidae y Moormopidae) en tres regiones, un sitio urbano (Mérida), uno semiconservado (Tizimín) y uno conservado (Calakmul). Al interior de cada región muestreamos en tres localidades a lo largo de un gradiente urbano, rural/semiconservado y conservado. Utilizamos datos ambientales e imágenes satelitales Sentinel-2 para caracterizar cada región y localidad calculando diversos índices de vegetación, elementos clave del paisaje e índices del grado de perturbación antrópica. A nivel local, encontramos una mayor riqueza y diversidad de roedores en las localidades semiconservadas de las tres regiones, mientras que para los murciélagos la riqueza y diversidad fue mayor en las localidades conservadas. A nivel regional, Mérida, el sitio con menor cobertura forestal y mayor superficie alterada fue el menos diverso para ambos grupos, con una alta abundancia del roedor endémico *Peromyscus yucatanicus* y del murciélago *Glossophaga mutica*, especies que se ha reportado pueden distribuirse en ambientes perturbados, además en la localidad semiconservada de Mérida registramos al ratón invasor *Mus musculus*. En Tizimín, región semiconservada y que cuenta con menos superficies alteradas que Mérida, pero donde la superficie de suelo desnudo y agrícola es mayor, fue la más diversa para murciélagos. Aquí registramos especies abundantes como *Sigmodon toltecus*, un roedor generalista que habita en pastizales abiertos y bordes de caminos y zonas agrícolas, así como a *Artibeus jamaicensis* y *Artibeus lituratus*, murciélagos frugívoros que pueden acceder a una gran diversidad de recursos frutales. En la localidad urbana de Tizimín encontramos a la rata invasora *Rattus rattus*. Finalmente, Calakmul se caracterizó por una mayor cobertura forestal nativa y una menor alteración del hábitat. Aquí encontramos más especies raras para ambos grupos y una mayor diversidad de roedores. Las especies abundantes fueron *Ototylomys phyllotis*, un ratón semiarbóreo que depende de hábitats arbóreos y el roedor endémico *Heteromys gaumeri*. Respecto a los murciélagos, cuatro especies frugívoras fueron las más abundantes. Estos resultados sugieren una respuesta diferencial de ambas comunidades ya que, para los roedores, la diversidad fue menor conforme aumentaba la degradación

del hábitat mientras que para los murciélagos la heterogeneidad ambiental de la región semiconservada se asoció con una mayor diversidad de especies.

Paisajes alterados y su relación con el microbioma intestinal de roedores mexicanos

Gabriela Aridai Borja Martínez¹, Ella Vázquez Domínguez¹

¹ Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México

Introducción: La composición del microbioma de vertebrados se ve afectada por factores intrínsecos como la diversidad genética, dieta o sexo del hospedero, y por factores extrínsecos como la configuración del paisaje. La transformación antrópica de los ecosistemas ha modificado las comunidades de fauna silvestre y por tanto de sus comunidades bacterianas. La península de Yucatán, México, ha sufrido una significativa deforestación, sobre todo por cambio de uso de suelo asociado al manejo agrícola y a la ganadería. Los roedores se caracterizan por una alta tasa de reproducción y de densidad poblacional, amplia distribución geográfica, intensa interacción social y, en algunas especies, una estrecha asociación con asentamientos humanos o paisajes alterados.

Métodos: Trabajamos en tres regiones geográficas en la península de Yucatán que representan un área con alta urbanización (Mérida), un área rural (Tizimín) y una conservada (Calakmul). Dentro de cada región geográfica realizamos el muestreo de la comunidad de roedores en tres estados de un gradiente de paisaje: urbano, periurbano y conservado. Se colectaron excretas frescas de todos los individuos capturados, para caracterizar las comunidades bacterianas, mediante la amplificación de la región V4 del 16s ribosomal. Realizamos análisis de diversidad alfa y beta, evaluamos si existían diferencias significativas entre áreas geográficas, estados de gradiente y especies, con base en un análisis Permanova.

Resultados: Analizamos un total de 61 muestras pertenecientes a 7 especies de roedores: *Heteromys gaumeri*, *Oligoryzomys fulvescens*, *Oryzomys couesi*, *Ototylomys phyllotis*, *Peromyscus leucopus*, *Peromyscus yucatanicus* y *Sigmodon toltecus*; de las cuales obtuvimos un total de 9,426 variantes de secuenciación de amplicones (ASVs por sus siglas en inglés), pertenecientes a 15 phyla bacterianos. Respecto a la comunidad de roedores, las especies arborícolas como *O. phyllotis* o las asociadas a cultivos como *S. toltecus* mostraron mayor diversidad bacteriana, mientras que en especies del mismo género las comunidades bacterianas fueron idénticas (*P. leucopus* y *P. yucatanicus*). Resalta un posible intercambio de microbioma entre fauna silvestre y fauna doméstica y/o humana en los paisajes periurbanos y urbanos, aumentando la diversidad en zonas geográficas de marcado ecotono agrícola-ganadero-urbano como Tizimín, así como en los estados urbanos de las tres regiones geográficas. Asimismo, la abundancia de ciertos taxa fue mayor en dichos ecotonos, como el orden de Enterobacteriales, el cual se asocia con procesos de disbiosis en roedores. Identificamos un recambio significativo de ASVs entre Mérida y las otras dos regiones geográficas.

Conclusión: Los roedores presentan una fuerte señal filogenética en la composición del microbioma. La interfaz de paisaje y en particular los paisajes alterados determinan en gran medida la composición de las comunidades bacterianas de los roedores estudiados.

Palabras clave: Ecología evolutiva, microbioma, perturbación antrópica, roedores

Biogeografía evolutiva de los ratones del subgénero *Aporodon* (Neotominae: *Reithrodontomys*)

Giovani Hernández-Canchola

Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 3000, Circuito Interior s/n, C.P. 04510, Ciudad de México, México. GHC: giovani@ciencias.unam.mx

El subgénero de ratones *Aporodon* incluye a más de la mitad de las especies reconocidas dentro del género *Reithrodontomys*, las cuales generalmente cuentan con distribuciones restringidas, muchas de ellas habitan en zonas montañosas, y todas ellas son endémicas a Mesoamérica. Sin embargo, la diversidad de especies dentro de *Aporodon*, sus relaciones filogenéticas e historia evolutiva aún no son completamente claras. Con el uso del gen citocromo b y de miles de Elementos Ultra Conservados (UCEs), ubicamos la posición filogenética de especies que no habían sido incluidas en previos estudios. Además, nuestros resultados sugieren que el subgénero *Aporodon* apareció en el Plioceno, pero la mayoría de sus eventos de diversificación ocurrieron en Centro América durante el Pleistoceno. Nuestros resultados también indican que el ancestro de *Aporodon* contaba con hábitos terrestres o semiarbóricolas, pero este rasgo evolucionó hacia la arborealidad en múltiples especies. La evolución de la arborealidad en estos roedores, en adición a la compleja orografía de Mesoamérica y la historia climática de la región, parecen haber participado en la diversificación de este grupo de roedores que cuentan con una gran cantidad de especies.

Disminución del tamaño corporal de *Passalus punctiger* con el paso de los años

Lesly E. Sosa¹, Sofía A. Sánchez¹, Sara M. Monterroso¹, María A. Campos¹

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias y Humanidades, Universidad del Valle de Guatemala, Guatemala.

En las últimas décadas, el clima del planeta Tierra ha cambiado, alterando la temperatura y la precipitación promedio anual, lo cual influye en los ecosistemas y los organismos que los conforman. A su vez, esto puede perturbar varias dinámicas ecológicas, incluyendo redes tróficas, patrones de distribución, composición genética, hibridación entre especies, densidad poblacional, entre otras. A nivel individual, el tamaño corporal es un rasgo ecológico fundamental y está relacionado con el rol del organismo en dichas dinámicas a distintos niveles ecológicos. El objetivo de este estudio es comprobar si se ha dado una disminución en el tamaño corporal del coleóptero *Passalus punctiger* con el transcurso del tiempo. Para esto, se midieron los élitros y protórax de 141 especímenes correspondientes al periodo entre los años 1969 y 2016 conservados en la Colección de Artrópodos de la Universidad del Valle de Guatemala. Por medio de modelación estadística en Rstudio, se comprobó que se ha dado una disminución en el tamaño de los élitros con el paso de los años, mas no en el tamaño del protórax. Considerando que se trata de organismos ectotermos y la relación del tamaño corporal con las condiciones climáticas, es posible inferir que existe una relación del encogimiento con el calentamiento global. En este sentido, la presente investigación abre oportunidad a replicarse con un tamaño mayor de muestra y variables adicionales para corroborar los resultados obtenidos a partir del taxón indicado.

Consecuencias Evolutivas de Heterosis e Incompatibilidades en Híbridos

Julio A. Ayala-Lopez^{1,2}, Vítor Sousa³, Claudia Bank^{1,2}

¹ Institute of Ecology and Evolution, University of Bern, Bern, Switzerland

² SIB, Swiss Institute of Bioinformatics, Lausanne, Switzerland

³ cE3c-Centre for Ecology, Evolution and Environmental Changes, Department of Animal Biology, Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa, Campo Grande, 1749-016, Lisbon, Portugal

En las últimas décadas el rol de la hibridación, el proceso en el que se reproducen dos linajes genéticamente distintos, como una fuerza evolutiva ha cobrado un interés cada vez mayor debido a que se ha reconocido que es más común en la naturaleza de lo que se pensaba anteriormente. Cuando dos poblaciones distintas hibridizan, pueden producir descendencia con valores de aptitud que discordan de cualquiera de los dos parentales. Uno de los enfoques de los estudios en hibridación se enfoca en cómo los híbridos pueden tener una reducción en aptitud por diferentes procesos como selección ecológica contra fenotipos intermedios, carga híbrida, inviabilidad híbrida, o esterilidad híbrida. Por otro lado, la heterosis o vigor híbrido, busca explicar el aumento de aptitud por diferentes procesos. Usualmente estudiados separadamente, la interacción entre heterosis e incompatibilidades híbridas aún no se conocen ampliamente. Por esta razón, en este proyecto buscamos esclarecer el rol de la interacción de estas dos fuerzas en poblaciones híbridas para determinar sus consecuencias a largo plazo. Para esto, actualmente utilizamos modelos analíticos y numéricos de genética de poblaciones para describir la dinámica de una población híbrida bajo diferentes condiciones, en un modelo de incompatibilidades del tipo Dobzhansky-Muller (DMI por sus siglas en inglés) y sobredominancia. Adicionalmente, estudiamos teóricamente el rol de elementos reguladores genéticos y su evolución bajo la luz de incompatibilidades híbridas. Por último, estudiamos por medio de análisis de genómica y transcriptómica las diferencias en patrones de expresión genética en distintas poblaciones híbridas comparadas sus especies de origen, con el fin de describir los sesgos que puedan existir por factores como entorno, tejido e historia evolutiva.

Acondicionamiento de forrajeo en ictéridos y túrdidos en el campus UVG de la Ciudad de Guatemala.

Amy Argueta Mejía^{1.1}, Beverly Teresita Pérez Monzón^{1.2} y Melany Andrea Guzmán Martínez^{1.3}

1. Licenciatura en Biología. 1.1 arg21507@uvg.edu.gt 1.2. per21466@uvg.edu.gt 1.3 guz2156@uvg.edu.gt

Las aves se presentan en grandes cantidades en las zonas urbanas, con el paso del tiempo dichos organismos se han adaptado a los diferentes ambientes que el humano ha ido creando. En el caso de la Ciudad de Guatemala, región urbana que alberga aproximadamente 130 especies de aves, las aves más ocurrentes que se pueden observar pertenecen a la familia Icteridae y Turdidae, específicamente *Quiscalus mexicanus* y *Turdus grayi* respectivamente. Con el objetivo de estudiar a detalle la ecología, comportamiento, uso de hábitat, forrajeo y necesidades de conservación de estas 2 aves surge el proyecto de acondicionamiento. Dicho estudio se realizó en un área verde dentro del campus central de la Universidad del Valle de Guatemala en la cual se colocó un sistema de platos de colores con diferentes sustancias en donde únicamente una era alimento por un periodo de 3 semanas. Dentro de los datos que se obtuvieron se determinó que la dieta de *Q. mexicanus* se ve afectada por la disposición de alimento antrópico ya que se agregó una fritura al alimento original que se había establecido y con eso tuvo éxito de acercamientos al sistema. En el caso de *T. grayi* a pesar de estar en la misma área de forrajeo no tuvo ningún acercamiento al sistema por la diferencia de dieta que lleva dicha ave.

Palabras clave: Acondicionamiento, Aves Urbanas, *Quiscalus mexicanus*, *Turdus grayi*, Guatemala

Reconstrucción filogenómica, estructura genética y flujo génico del complejo *Astyanax mexicanus* (De Fillipi 1853) (Actinopterygii, Characidae).

Marco Antonio Alan Garduño Sánchez¹, Vladimir Salvador De Jesús Bonilla¹, Ramses Miranda², Jeffrey Miller³, Rachel Moran³, Suzanne McGaugh³, Josh Gross⁴ y Claudia Patricia Ornelas García¹.

¹ Departamento de Zoología, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, México.

² Posgrado de Física, Universidad Nacional Autónoma de México

³ Ecology Evolution, and Behavior, 140 Gortner Lab, 1479 Gortner Ave, University of Minnesota, Saint Paul, MN 55108 3Department of Biology,

⁴ Department of Biological Sciences, University of Cincinnati, Cincinnati, OH, USA 45221

Los cambios fenotípicos observados en los animales adaptados a la vida en cuevas ofrecen una oportunidad única para estudiar la evolución regresiva. Estos organismos nos ofrecen ventajas sobre otros sistemas, ya que se puede conocer la dirección del cambio fenotípico (de ambientes de superficie a cuevas), y las presiones de selección están claramente definidas (*i.e.* oscuridad perpetua, baja disponibilidad de nutrientes, etc.). La sardinita ciega *Astyanax mexicanus*, distribuida al noreste de México, es un modelo para el estudio de la evolución de los caracteres asociados a la vida en cuevas como son: pérdida de la visión y pigmentación, incremento en órganos sensoriales, etc. Actualmente se conocen al menos 33 poblaciones troglobias, distribuidas principalmente en la región de La Huasteca en México, en la Sierra de El Abra, la Sierra de Guatemala y la Sierra de la Colmena, en los estados de San Luis Potosí y Tamaulipas. A pesar de múltiples estudios llevados a cabo en este grupo, aún existe incertidumbre del tiempo y modo de evolución de las poblaciones troglobias actuales. En el presente estudio se llevó a cabo una reconstrucción filogenómica utilizando SNPs de genomas completos y secuenciación restringida del genoma (Radseq), a fin de evaluar las relaciones filogenéticas en el complejo *A. mexicanus*, así como su estructura poblacional y el flujo génico ancestral y reciente entre las diferentes poblaciones. Nuestros resultados muestran una fuerte concordancia entre la historia filogenética del grupo y la distribución geográfica. Basados en nuestros resultados, podemos sugerir que las poblaciones de cuevas han evolucionado de manera independiente en tres linajes distintos. Los patrones de estructura genética y flujo génico nos permitieron hacer una reconstrucción del grado de conectividad subterránea entre los sistemas de El Abra, Guatemala y La Colmena.

La evolución de la dormancia de verano y su relación con el caparazón de las tortugas

Ernesto Raya García¹ y Rodrigo Macip Ríos¹

¹Escuela Nacional de Estudios Superiores, Universidad Nacional Autónoma de México, Unidad Morelia.
Correo: eraya@enesmorelia.unam.mx

Aparte de la hibernación, las estrategias de letargo o dormancia en animales han sido poco estudiadas. La estivación es un rasgo funcional y de comportamiento que responde a los efectos de la reducción del agua durante las estaciones secas y cálidas. Se ha detectado en muchas especies de tortugas terrestres y acuáticas. Sin embargo, existen varios aspectos ecológicos y evolutivos de la estivación en quelonios que son necesarios evaluar y comprender. Nosotros realizamos una exploración comparativa de las tendencias macroevolutivas en la estivación de las tortugas y probamos el efecto potencial de la morfología del caparazón en los tiempos de estivación. Recopilamos un conjunto de datos del estado de estivación, tiempos de estivación y mediciones de la morfología del caparazón de 225 especies de tortugas. Reconstruimos estados ancestrales a lo largo de una filogenia calibrada en el tiempo y probamos diferentes modelos con tasas de cambio evolutivo en rasgos asociados con la estivación. También realizamos un análisis comparativo filogenético para explorar las variables morfológicas de la concha probablemente asociadas con los tiempos de estivación promedios y máximos de estivación. Encontramos evidencia de estivación en el 44 por ciento de las especies de tortugas evaluadas. Los tiempos de estivación más largos se encontraron en Chelidae, Pelomedusidae, Geoemydidae y Kinosternidae, y los tiempos más cortos se detectaron en Emydidae y Testudinidae. La inferencia de los estados ancestrales reveló que la estivación de las tortugas es un rasgo derivado con múltiples evoluciones en los dos principales clados de tortugas. Encontramos tendencias evolutivas específicas en algunos clados que muestran una mayor estivación (ej. Pelomedusidae y Kinosternidae), clados que exhiben pérdidas de estivación (ej. Podocnemididae y Trionychidae) y patrones contrastantes (pérdida vs. mantenimiento) en la mayoría de los clados de las familias Testudinidae y Geoemydidae. Por otro lado, los efectos aditivos de diferentes variables morfológicas de la concha se correlacionaron tanto positiva como negativamente con los tiempos máximos de estivación en la mayoría de las familias de quelonios. Este es el primer estudio que explora la evolución de la estivación en las tortugas y proporciona evidencia de que la morfología del caparazón en diferentes familias de quelonios puede ser un factor importante al influir en el tiempo de estivación. Concluimos que la estivación en tortugas es un proceso ecológico y evolutivo complejo que necesita ser abordado con más detalle en estudios posteriores.

Estudio financiado por: DGAPA-PAPIIT (UNAM) proyectos IN201921 and IA20041.

La Cobertura Vegetal Como Factor Determinante En La Estructura Comunitaria De Los Lepidópteros Diurnos (Lepidoptera: Papilionoidea) Asociados Al Bosque Húmedo Tropical (Tolima, Colombia).

Edwin David Castañeda Cadena

Recientemente múltiples estudios han buscado comprender los cambios en la composición comunitaria de mariposas diurnas como respuesta a las características físicas y estructurales del hábitat. Sin embargo, y pese a que Colombia se posiciona como el país con mayor riqueza específica de esta superfamilia; aún existen importantes vacíos de información que permitan comprender las dinámicas comunitarias de este grupo taxonómico consagrado como un excelente bioindicador. Aquí, proporcionamos datos sobre la composición, estructura y diversidad de la comunidad de mariposas diurnas (Lepidoptera: Papilionoidea) en el municipio de San Sebastián de Mariquita (Tolima, Colombia) y los relacionamos con variables ambientales y tipo de cobertura vegetal. Durante 18 días, entre octubre y diciembre del 2022, se siguieron metodologías de colecta pasiva, con trampas tipo Van Someren-Rydon y activa, con redes entomológicas, evaluando tres fragmentos de bosque y tres pastizales. Se registraron 901 individuos correspondientes a 6 familias, 100 géneros y 155 especies. La familia Nymphalidae fue la más abundante con 633 individuos (70%), y la más diversa, con 99 especies (64%). Los análisis estadísticos mostraron diferencias significativas entre la composición y diversidad de especies para las dos coberturas, señalando mayor similitud cuando los puntos de muestreo se encontraron en el mismo tipo de cobertura vegetal, sin importar la distancia entre localidades. Los modelos de distribución de abundancia sugieren presiones antrópicas, mostrando patrones comunitarios característicos de zonas perturbadas o inmersas en una matriz agrícola. Los datos aquí presentados sugieren que la cobertura vegetal se comporta como un “filtro” ecológico capaz de moldear la composición comunitaria de las mariposas diurnas.

Fauna y fenología de mariposas diurnas de bosques secos de Guatemala

Jiichiro Yoshimoto

El bosque estacionalmente seco de Guatemala cuenta con alta biodiversidad y ecosistemas peculiares; sin embargo, aún se conoce poco acerca de la entomofauna de dichos bosques. En el presente estudio se realiza la investigación de mariposas diurnas (Lepidoptera: Papilionoidea) en dos sitios (en los valles de Salamá y Motagua), con el fin de actualizar la lista de especies de mariposas del bosque seco y de detectar diferencias geográficas y patrones estacionales en la riqueza y composición de especies.

El muestreo realizado hasta 2022 en ambos sitios permitió registrar un total de 225 especies de 20 subfamilias de seis familias de mariposas diurnas. Nymphalidae y Hesperidae son las familias que tienen la mayor riqueza de especies en ambos sitios. La composición de especies es similar en Pieridae y Nymphalidae entre los sitios; en cambio, Lycaenidae, Riodinidae y Papilionidae presentan la mayor diferencia entre los sitios. En el sitio de Motagua, la riqueza de especies es más alta en la época lluviosa que en la seca, y la composición de especies cambió drásticamente entre las épocas, mostrando la estacionalidad muy marcada en la diversidad de mariposas. La riqueza de especies tiende a ser más alta en la época lluviosa en el sitio de Salamá también, aunque esta diferencia estacional es menor que la del sitio de Motagua.

Estos resultados confirman la alta diversidad de lepidópteros del bosque seco de Guatemala y representan similitudes y diferencias en la fauna y fenología de mariposas dentro de estos bosques. Es necesario el seguimiento de muestreo de mariposas para elaborar una lista más exhaustiva de especies. Además, es importante realizar el monitoreo de mariposas en relación con factores bióticos y abióticos para revelar más la ecología de lepidópteros en la región seca de Guatemala.

Influencia del contexto ambiental en la estructura de las interacciones planta-abeja en tres ecosistemas de Guatemala.

Natalia Escobedo, Eunice Enríquez, Alfredo Mejía, Denisse Escobar, Navil Ventura & Quebin Casiá*.

*Ponente

Las redes ecológicas permiten estudiar las relaciones entre niveles tróficos a escala de comunidades, por medio de métricas de la estructura del sistema. Sin embargo, el conocimiento sobre los patrones estructurales de redes de ecológicas en gradientes ambientales es escaso, y los trópicos no son la excepción. Este estudio busco definir la influencia del contexto ambiental en la estructura de las interacciones planta-abeja en tres ecosistemas de Guatemala: bosque de montaña, la selva lluviosa baja y el bosque seco de Guatemala. Se utilizaron los registros de interacción planta abeja de la Colección de Abejas Nativas de Guatemala, y los mapas con la clasificación de las zonas de vida, provincias de humedad, pisos altitudinales y ecosistemas para Guatemala. Con la corrección de las métricas topológicas de las redes planta-abeja por modelos nulos, se encontró que el anidamiento de las redes de interacción fue mayor en el bosque de montaña, en comparación a el bosque seco, mientras que la especialización de las redes en fue mayor la selva lluviosa en comparación a el bosque de montaña. Esto sugiere que las redes planta-abeja en ecosistemas de montaña tienen una tendencia hacia la generalización, patrón estructural de red que podrían facilitar la extinción local de las interacción y especies especialistas, conformando sistemas planta-polinizador con pocos interactuantes e interacciones entre los mismos. Sugerimos el rol de los factores abióticos como determinante de la estructura de las redes planta-polinizador, y sus posibles efectos en las comunidades tropicales.

Resúmenes de pósters

Genética del paisaje de *Chlorospingus flavopectus* en el norte de Centroamérica

A. Ramírez¹, R. C. K. Bowie², R. A. Jiménez^{1,2}

¹Escuela de Biología, Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala

²Museum of Vertebrate Zoology and Department of Integrative Biology, University of California, Berkeley, USA.

Contacto: andyjazmi3ago@gmail.com

Los bosques nubosos son ecosistemas naturalmente fragmentados que se encuentran amenazados por las actividades humanas intensivas. Como resultado, las especies que habitan en estos bosques pueden presentar conectividad limitada que se evidencia en alta estructuración genética. En este trabajo utilizamos herramientas de genética del paisaje para evaluar las variables de configuración y composición del paisaje que tienen un efecto en la conectividad de las poblaciones de *Chlorospingus flavopectus* del norte de Centroamérica. Utilizamos secuencias del gen mitocondrial que codifica la proteína ND2 y datos de ddRADseq de 126 individuos. Empleando 29,768 polimorfismos de nucleótido único (SNPs), el análisis de admixture identificó tres grupos genéticos de *C. flavopectus* correspondientes a 1) Chiapas, México y este de Guatemala, 2) Honduras y norte de El Salvador, y 3) centro de Guatemala. El análisis de modelo de efecto mezclado de factor latente (LFMM) mostró que el 1.4% de SNPs están correlacionados a las variables del paisaje. Según el análisis de redundancia (RDA), las variables del paisaje más relacionadas a la estructura genética son los parches de agrocultivos (RDA1=0.68), la distancia entre parches de bosque nuboso (RDA1= 0.29) y la distancia a ríos y lagos (RDA1=0.03). Los resultados demuestran que las áreas destinadas a agricultura y ganadería son un aspecto importante en la diversidad y estructuración genética de forma que disminuyen la conectividad entre bosques. Promover áreas de bosque nuboso con mayor cercanía y tamaño podría aumentar la conectividad entre poblaciones de esta y otras especies.

Diversidad De Lepidópteros En Bosque Húmedo Subtropical Al Norte De Puerto Rico

¹Dara Sofía Ortiz Casillas; ^{1,2}Jonathan Alfredo López Colón, MSEM

¹Universidad Ana G. Méndez, Recinto de Cupey

²Universidad de Puerto Rico, Recinto de Río Piedras

Un total de aproximadamente 180,000 especies de mariposas y alevillas se encuentran descritas en 126 familias dentro del orden Lepidóptera. Estos concentran un 90% de sus especies en los trópicos, actúan como polinizadores y son importantes bioindicadores de cambios ecológicos dado a su sensibilidad a perturbaciones naturales y antropogénicas. Esta investigación busca aportar al conocimiento del orden lepidóptero en la isla caribeña de Puerto Rico. Durante este estudio preliminar identificamos y cuantificamos la diversidad y riqueza de especies de mariposas y alevillas que se encuentran en los predios de la Reserva Natural Laguna Tortuguero, clasificada como un bosque costero sobre sustrato arenoso, ubicado al norte de la isla grande del archipiélago de Puerto Rico. Utilizando el método “Pollard Walk” se observaron diferentes especies de lepidópteros en tres transectos de 1,000m y una cuadrante de 50m². Los datos se colectaron utilizando GPS Tracks Pro, una aplicación que permite anotar las coordenadas exactas de cada observación y atribuirle un título. Así mismo, mientras se caminaba por las áreas de muestreo se colectaban, con redes de mariposas, los especímenes a identificar, y cada 200 metros colocamos una trampa de frutas fermentadas la cual se dejaba un periodo de dos días colocada. Los resultados preliminares a este estudio demuestran que hay presencia de seis familias de lepidópteros y más de 27 especies, *Heliconius charithonia charithonia* (Familia: Nymphalidae) siendo la más abundante. Se ha observado que hay mariposas que son específicas a ciertas áreas de la reserva como: *Anartia jatrophae semifusca*, *Adelpha gelania arecosa*, *Papilio demoleus*, y *Dryas iulia iulia*. Este patrón de observación lo podemos relacionar con la fenología de las plantas circundantes y sus estacionalidades. Además, encontramos presencia de *Papilio demoleus* (Familia: Papilionidae), una especie invasora que se encuentra normalmente en el suroeste de Puerto Rico y cuya larva es una plaga para los cultivos de cítricos. Cabe añadir que hemos tenido vastas observaciones de la especie *Adelpha gelania arecosa* (Familia: Nymphalidae), una mariposa endémica de Puerto Rico que está clasificada como poco común. Este estudio preliminar puede afirmar que la Reserva Natural Laguna Tortuguero es un ecosistema de alto valor ecológico para la biodiversidad de lepidópteros dentro de la región norte de la isla dado a las múltiples familias y especies que hemos documentado en ella.

La intensidad de la interacción no predice el traslape de las áreas de distribución entre las hormigas soldado y las aves seguidoras de hormigas

Ana Lucía Interiano¹, Rosa Alicia Jiménez¹, Dulce Herrera¹, Habibi Orellana-Carrera¹, Sofía Pozuelos-Castillo¹, Nery D. Monroy R.², Pavel García¹, Jorge Erwin López¹

¹Escuela de Biología, Universidad de San Carlos de Guatemala, Ciudad Universitaria Zona 12, Guatemala

²Petén, Guatemala

La biogeografía tiene como un tema central el estudio de las áreas de distribución de especies, las cuales son influenciadas por la historia evolutiva, factores abióticos e interacciones bióticas. Las interacciones bióticas entre diferentes especies son clasificadas como competencia, depredación, mutualismo y comensalismo. Estas interacciones interespecíficas pueden ocurrir en un gradiente de intensidad entre obligadas y facultativas. Por lo tanto, las áreas de distribución de especies que interactúan podrían presentar distintos patrones de traslape dependiendo del tipo de interacción y su intensidad. Un ejemplo de interacción de parasitismo en el Neotrópico es el caso de las hormigas soldado y las aves seguidoras de hormigas. Las hormigas soldado de las especies *Eciton burchellii* y *Labidus praedator* son clave en la dinámica de los bosques neotropicales ya que regulan las poblaciones de artrópodos de la hojarasca y diversidad de vertebrados e invertebrados que dependen de ellas para su supervivencia. Distintas especies de aves siguen a las hormigas y se alimentan de artrópodos ahuyentados por los enjambres de hormigas soldado, reduciendo el alimento disponible para las hormigas. Nuestra hipótesis fue que la intensidad de la interacción entre las hormigas soldado y las aves seguidoras de hormigas (obligadas o facultativas) se refleja en el traslape de las áreas de distribución entre las hormigas soldado y las aves. Generamos modelos de distribución de especies con MAXENT y estimamos el porcentaje de traslape entre las dos especies de hormigas soldado y 10 especies de aves seguidoras de hormigas que habitan la región entre la Zona de Transición Mexicana y el Darién. Contrario a lo esperado, nuestros resultados mostraron que la intensidad de la interacción no afectó al porcentaje de traslape entre las áreas de distribución de las hormigas soldado y las aves. Sin embargo, hubo una tendencia en los porcentajes de traslape, los valores más altos se presentaron en las especies de aves con comportamiento de parasitismo obligado y los porcentajes de traslape más bajos se registraron en las especies de aves con comportamiento de parasitismo facultativo. Una explicación a esta falta de coincidencia entre la predicción planteada y los resultados observados podría ser que estas interacciones de parasitismo ocurren en un gradiente de intensidad, una intensidad que ha sido generalmente definida en escalas locales/ecológicas. Por lo tanto, en una escala biogeográfica/regional los porcentajes de traslape podrían no reflejar directamente la intensidad de las interacciones. Nuestra investigación incentiva a que se siga explorando la biogeografía de las interacciones interespecíficas, tomando en cuenta los gradientes de intensidad de dichas interacciones. Además, este estudio es un ejemplo de cómo los modelos de distribución de especies pueden ayudar a la comprensión de fenómenos biogeográficos.

Identificación de hábitats idóneos para la conservación de una leguminosa en peligro de extinción en el norte de Puerto Rico: Un enfoque basado en modelos Maxent para su reintroducción y recuperación de hábitat.

Jonathan Alfredo López Colón^{1,2}, Diana Guzmán³, José L. Agosto Rivera¹ & José Gilberto Martínez⁴

¹Departamento de Biología, Universidad de Puerto Rico, Recinto de Río Piedras

² División de Ciencias Tecnología y Ambiente, Universidad Ana G. Méndez, Recinto de Cupey

³USDA-Climate Hub, Centro climático del Caribe⁴US, Fish & Wild Service, Cabo Rojo, Puerto Rico

Chamaecrista glandulosa var. *mirabilis* (Pollard), es una leguminosa leñosa endémica de Puerto Rico y se encuentra enlistada como especie en peligro de extinción desde la década de los setenta. Las poblaciones de esta especie son distribuidas en áreas de suelos silicios, ácidos y pobres en nutrientes al norte de Puerto Rico, han experimentado una reducción significativa e incluso extinciones locales debido a la explotación agrícola, desarrollo industrial y urbano. En este estudio, buscamos predecir e identificar zonas adecuadas con potencial de restauración para ayudar en la recolonización asistida de nuevas poblaciones de *C. glandulosa* var. *mirabilis*. Utilizando modelos de distribución de especies (MaxEnt), consideramos variables climáticas obtenidas de la base de datos BIOCLIM, tipos de suelo y elevaciones de la base de datos de USDA-NRCS ("Natural Resources Conservation Service"). Desarrollamos el modelo con n=21 variables ambientales y n=23 puntos de presencia con una resolución de 15-m. El modelo se validó de forma cruzada y se replicó durante cinco ejecuciones con 10,000 interacciones. Los valores de predicción del modelo oscilaron entre 0 y 0.45 (AUC 0.99; 0+/- SD). La variable de importancia fue "estacionalidad de las precipitaciones" (contribución porcentual = 64.6%; importancia de permutación = 63.6%). La "elevación" y el "tipo de suelo" también son estimadores importantes de la sustentabilidad del hábitat, mientras que todas las variables relacionadas con las altas temperaturas y la variabilidad de las altas temperaturas respondieron negativamente en el modelo. *Chamaecrista glandulosa* var. *mirabilis*, tuvo una mayor probabilidad de aparición en sitios con un menor patrón de variabilidad de las precipitaciones, lo que significa que existe una mejor probabilidad de establecimiento en sitios donde los patrones de precipitaciones sean más estables y consistentes. Por otro lado, las altas temperaturas son indicativas de una menor probabilidad de presencia. Estos hallazgos son relevantes en el contexto del cambio climático, ya que representan una bandera roja para la especie debido a que se prevén precipitaciones extremas, un aumento del nivel del mar y temperaturas superiores a la media en la región del Caribe. Por lo tanto, los esfuerzos de reintroducción, manejo y conservación deberían enfocarse en validar varios microhábitats para proteger a los individuos de los efectos negativos que el clima tendría en estas poblaciones vulnerables.

Evidencia de señal filogenética en tolerancias climáticas y rasgos morfológicos en dos géneros de Pinaceae que diversificaron en Mesoamérica

Jorge Cruz-Nicolás¹, David S. Gernandt¹, Juan Pablo Jaramillo-Correa²

¹Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, CDMX 04510, México.

²Departamento de Ecología evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, CDMX 04510, México

La divergencia intraespecífica puede reflejar adaptación y aislamiento reproductivo, especialmente cuando se colonizan ambientes subtropicales o tropicales. En general, se asume que los nuevos linajes serán morfológica y ecológicamente similares a sus ancestros, pero la causa de esta retención de caracteres puede ser diversa. En el presente estudio se infirió la señal filogenética a través de la K de Blomberg y la λ de Pagel, utilizando método comparado para tolerancias climáticas y rasgos morfológicos de acículas y conos de dos géneros de la familia Pinaceae (*Pinus* y *Abies*). Estos dos géneros recientemente migraron de Norteamérica hacia Mesoamérica (< 10 millones de años) y se diversificaron en ambientes subtropicales (*Abies*) y tropicales (*Pinus*). Para las variables climáticas de los dos géneros se observó una fuerte señal filogenética K y $\lambda \sim 1$. En el caso de las variables morfológicas se observó una señal filogenética fuerte para el género *Pinus*, pero débil para el género *Abies* (K y $\lambda \sim 0.5$), donde se observaron algunas autapomorfias para el número de canales resiníferos. El modelo predominante para explicar la señal filogenética en el género *Abies* fue el Movimiento Browniano (procesos aleatorios), lo mismo se observó en los rasgos morfológicos del género *Pinus*. Sin embargo, las variables climáticas para el género *Pinus* fueron mejor explicadas por selección estabilizadora. Estos resultados indican una fuerte retención de caracteres en los géneros *Pinus* y *Abies* de Mesoamérica, con una divergencia producto de procesos aleatorios, pero de forma interesante la selección estabilizadora ha mantenido las tolerancias climáticas del género *Pinus* en la región.

Palabras clave: *Abies*, *Pinus*, Movimiento Browniano, selección estabilizadora, señal filogenética.

Avifauna en un territorio azonal en el pacifico de Nicaragua (Parte alta de la cuenca sur de Managua)

Lester I. Fonseca González¹

¹Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua (UNAN-Managua), Facultad de Ciencia e Ingeniería, Departamento de Biología. lesterisaacsonseca@gmail.com ORCID: 0000-0002-9886-4813

La parte alta de la cuenca sur de Managua representa una zona de interés para la conservación de aves a pesar de no ser un área oficialmente dirigida a la conservación y estar constituida principalmente por fincas. Se registró un total de 152 especies por medio de la identificación visual y auditiva de los individuos a través de recorridos por transecto lineales (Ralph et al., 1996). Del total de especies el 23% resultaron ser netamente migratorias, 72% residentes y 5% tienen poblaciones entre residentes y migratorias; la comunidad de aves presentó una combinación de aves de áreas antropizadas, especies del bosque seco centroamericano, especies asociadas a hábitats de altura y otras que están presente en una o dos zonas biogeográficas del país, en este sentido, se destaca que algunas aves presentan distribuciones discontinuas en el territorio influenciadas por la altura y otras especies influenciadas por los gradientes latitudinales; el total de aves fue conformadas por especies nativas, endémicas regionales y especies alóctonas, conjuntamente, se presentan nuevos rangos de altitud para algunas especies. La cantidad de especies reportadas en comparación con otros lugares cercanos, históricamente estudiados fue del 80%, se enmarcan tres especies cinegéticas y se indica la caza furtiva de psitácidos, además, se determinó que 34 especies se encuentran en algún grado de amenaza, estas representaron el 22% del total de aves reportadas en este estudio. Por último, se hace mención, que la conservación en la zona de estudio debe concebirse desde varios puntos de vistas en donde se pueda desarrollar sinergias con distintos actores para lograr una gestión adecuada de los recursos naturales a largo plazo y este estudio plantea nuevos aportes para la historia natural de algunas aves en Nicaragua.

Palabras Clave: Aves, Conservación, Distribución, Cuenca sur, Managua.

El rol del sistema de fallas Motagua – Jocotán – Polochic en la diversificación genética de cuatro especies de aves de montaña en Centroamérica Nuclear.

Carlos A. Chúa¹, Rosa Alicia Jiménez¹

¹ Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacia, Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala

Las barreras geográficas limitan la dispersión de la biota y promueven su diversificación en alopatria al reducir o limitar el flujo génico entre poblaciones. Sin embargo, en un planeta dinámico, la permeabilidad de las barreras fluctúa en tiempo y espacio, provocando eventos de contacto secundario entre poblaciones previamente aisladas geográficamente, lo cual produce patrones filogenéticos complejos y oscurece las causas últimas por las que se ha originado la biodiversidad regional. Centroamérica Nuclear, la región delimitada por el Istmo de Tehuantepec al sur de México y la Depresión de Nicaragua al sur de Nicaragua, es un área geográficamente compleja. Dentro de Centroamérica Nuclear, el sistema de fallas Motagua-Jocotán-Polochic (SFMJP) separa las tierras altas del norte de Guatemala de las del oeste de Honduras y la cadena volcánica del Pacífico al sur de Guatemala lo cual provoca aislamiento geográfico de las poblaciones montañas y promueve su diversificación genética. Sin embargo, estudios recientes demuestran que la permeabilidad de la barrera es heterogénea espacialmente. Además, las oscilaciones climáticas del Pleistoceno pueden haber contribuido al contacto secundario de la biota montana entre el sistema de fallas, lo cual dificulta la identificación de patrones comunes entre la biota residente. Por ello, estudios comparativos a una escala fina son necesarios para elucidar los procesos causales de la diversidad biológica en nuestra región e identificar los patrones idiosincráticos independientes de cada linaje y los patrones compartidos de la biota regional. Para ello, utilizaremos genotipos obtenidos por secuenciación de ADN asociadas a sitios de restricción de doble digestión (*ddRAD-seq*) de individuos de 4 especies de aves residentes de las tierras altas de Centroamérica Nuclear: *Chlorospingus flavopectus*, *Arremon brunneinucha*, *Basileuterus belli* y *Myioborus miniatus*; para inferir la historia demográfica de las poblaciones continuas al SFMJP a través de modelos de coalescencia y el método del espectro de frecuencia de sitio (*Site Frequency spectrum -SFS-*). Estimaremos los parámetros demográficos históricos utilizando G-PhoCS (muestreador filogenético coalescente generalizado) para construir y evaluar distintos modelos demográficos bajo diferentes hipótesis utilizando *Momi2* (modelos de Moran para inferencia) en búsqueda de patrones comunes como respuesta a eventos históricos en la región. Asimismo, se buscará evidencia de flujo génico entre las poblaciones al norte, este y oeste del SFMJP para identificar sus patrones a través de la barrera. Por último, analizaremos la sincronía de los eventos de divergencia entre las poblaciones a través de la barrera para evaluar si los eventos de diversificación se presentan como una respuesta en común a cambios en el paisaje. Mediante esta investigación, buscaremos identificar los patrones en la evolución de la biota de Centroamérica Nuclear e inferir los procesos evolutivos que le han originado a lo largo del tiempo. A través de nuestros análisis esperamos encontrar patrones demográficos entre especies de aves que evidencien el complejo rol que ha tenido el SFMJP en la diversificación de la biota regional.

El ciclo de vida de cuatro especies de moscas de la familia Calliphoridae (Diptera), como herramienta para la aplicación de la entomología forense en Guatemala

Wendy M. Barillas^{1*}, Francisco López¹ & Noelia I. Zanetti²

¹Laboratorio de Entomología Forense, Laboratorios de Criminalística, Instituto Nacional de Ciencias Forenses de Guatemala, ciudad de Guatemala.

²Laboratorio de Entomología Forense, Instituto de Ciencias Biológicas y Biomédicas del Sur, Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, San Juan, Bahía Blanca, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

Correspondencia: motusardillia@gmail.com.

Se estudió el ciclo de vida de las especies de dípteros califóridos, *Chrysomya rufacies*, *Chrysomya megacephala*, *Cochliomyia macellaria* y *Lucilia sp* (Diptera: Calliphoridae), en condiciones controladas de laboratorio a una temperatura promedio de 26°C, a una humedad relativa promedio del 65% y a un periodo de iluminación de 12 h de luz y 12 h de oscuridad. Los tiempos promedio de desarrollo de desarrollo estimado desde la oviposición hasta la salida de los adultos para *C. rufacies*, *C. megacephala*, *Co. macellaria* y *Lucilia sp* fue de 278 h (11.6 días), 304 h (12.7 días), 278 h y 464 h (19 días), respectivamente. Bajo estas condiciones de temperatura y humedad, los huevos duran cerca de 14.3 h, 13.9 h, 12.8 h y 13.2 h; las larvas duran cerca de 150.2 h (6.3 días), 166.7 h (7 días), 141.3 h (5.9 días) y 270.7 h (11.3 días); y las pupas cerca de 113.4 h (4.7 días), 123.8 h (5.2 días), 123.4 h (5.1 días), 180 h (7.5 días), respectivamente. Se comparan estos resultados con otros estudios de ciclos de vida realizados bajo condiciones controladas equivalentes y se discute la importancia de estos resultados en las investigaciones de hechos criminales en Guatemala.

Palabras clave: desarrollo biológico, taxonomía, ecología, Chrysomynae, *Lucilia*.

La taxonomía integrativa al rescate del roedor más problemático: el caso del género *Ctenomys* Thomas, 1898

Raquel Alvarado-Larios¹, Pablo Teta², Agustina A. Ojeda¹

¹Laboratorio de Filogeografía, Taxonomía Integrativa y Ecología, Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas, Mendoza, Argentina

²Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, Buenos Aires, Argentina

El género *Ctenomys* es endémico del cono sur de Sudamérica; actualmente cuenta con 68 especies descritas y este número sigue aumentando gracias a los numerosos estudios que se realizan en torno a este taxón. Comúnmente conocidos como tuco-tucos, son roedores de hábitos fosoriales y taxonomía compleja, con nueve grupos de especies monofiléticos hacia el interior del género y especies que no se han podido asignar a ningún grupo. No obstante, pese a su gran riqueza específica, el poder identificarlas y separarlas no ha sido tarea fácil; muchas de estas especies al inicio fueron descritas en base a caracteres morfológicos (e.g. cambios de la coloración del pelaje) lo que llevó a una “sobre-inflación” de especies; asimismo, muchas poblaciones de tuco-tucos se encuentran aisladas y sumado la baja apacidad de movilidad conlleva a la generación de dudas sobre el estado taxonómico de las mismas. Actualmente, con la integración de diferentes herramientas taxonómicas, como la morfometría lineal y geométrica, la filogenética molecular, así como la inclusión de datos ambientales y edáficos, se han podido describir especies nuevas y sinonimizar muchas otras. Como prueba de ello, desde el año 2020 a la fecha se han descrito siete especies nuevas; asimismo, se han sinonimizado alrededor de otras cuatro especies, de las cuales no se sabía nada sobre su composición molecular. Cabe destacar que con herramientas considerablemente económicas y capital humano de la región se han podido desenmarañar numerosos problemas con el género, ya que para realizar morfometría lineal solo se necesita de un calibre y en cuanto a la filogenia molecular, la mayor cantidad de datos se poseen con genes mitocondriales que son económicamente más accesibles y muchos están disponibles en GenBank. No obstante, se van integrando también secuencias de genes nucleares para darle mayor soporte a las filogenias obtenidas y con ello se correlacionan los datos para poder elucidar a la población o grupo de especies que se está estudiando. Es así, que con una delimitación y entendimiento más preciso y completo de las especies de tuco-tucos se han podido identificar aquellas que puedan poseer algún riesgo de amenaza, cuyas poblaciones pueden encontrarse restringidas o al sinonimizar algunas especies cambiar su estatus de conservación a categorías con menor grado de amenaza. A nivel regional (e.g. UICN) y local (Argentina) los tuco-tucos poseen dos categorías de conservación predominantes; i.e., o están con algún grado de amenaza o poseen datos deficientes.