

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 tricóptero 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 - 12:00	Astrid Alejandra Morales Cabrera y Diana Gisella Velásquez Ramírez	Sistemática molecular del complejo Awaous banana (Gobios de río; Teleostei: Oxudercidae).	TF	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 - 12:00	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
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			

Resúmenes

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}, Cris1an 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 vió 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 vió 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, fabiologa.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.

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 alopatrica 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@ieciologia.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 Moormopide) 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 semiarborícolas, 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.

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.