

LA GENÉTICA MOLECULAR COMO UNA HERRAMIENTA PARA LA CONSERVACIÓN DE LAS GUACAMAYAS ROJAS (*Ara macao*) EN LA SELVA MAYA

Kari L. Schmidt y George Amato

Department of Ecology, Evolution and Environmental Biology, Columbia University, New York.
Sackler Institute for Comparative Genomics, American Museum of Natural History, New York.

INTRODUCCIÓN:

Las consideraciones genéticas son un componente integral de cualquier programa de manejo de vida silvestre. Esto es especialmente cierto cuando se plantean iniciativas de reintroducción o translocación para el aumento poblacional, cuando individuos liberados intentarán reproducirse con la población silvestre. Antes de iniciar programas intensivos de manejo de metapoblaciones las necesidades y objetivos del proyecto deben ser claramente identificados, incluyendo una determinación cuidadosa del estado genético de las poblaciones históricas o restantes en vida silvestre y las potenciales poblaciones fuente (silvestres o de cautiverio). Es posible diseñar estrategias para introducir variación genética que incremente y complemente la composición genética de la población silvestre.

Para nuestra investigación utilizamos técnicas de genética molecular a múltiples niveles jerárquicos para desarrollar un plan de manejo genético de las guacamayas rojas en la Selva Maya, considerando aspectos de taxonomía, remanente de flujo genético entre los sitios reproductivos en Belice, Guatemala y México, y toda la variación genética entre la población silvestre y en cautiverio. Este trabajo proveerá de datos empíricos críticos para los manejadores locales para guiar el desarrollo del monitoreo de los impactos genéticos de los esfuerzos intensivos del manejo de la metapoblación. A pesar de que nuestro proyecto se enfoca en la Selva Maya, estos resultados tendrán implicaciones importantes para otros programas de conservación de guacamayas rojas, como los esfuerzos propuestos por SalvaNatura para la reintroducción de guacamayas rojas en El Salvador.

OBJETIVOS:

Objetivo # 1: Utilizar datos de genética molecular para determinar patrones amplios de variación genética intraespecífica e identificar caracteres diagnósticos para linajes evolutivos únicos. Estos datos serán comparados con la taxonomía de las subespecies (*Ara macao cyanoptera* y *Ara macao macao*) para determinar si las designaciones actuales representan unidades de conservación operacionales.

Objetivo # 2: Utilizar datos moleculares de muestras modernas e históricas para cuantificar la diversidad genética dentro de éstas, y el grado de flujo genético entre las poblaciones remanentes en la Selva Maya, y determinar si estos patrones han cambiado a través del tiempo.

Objetivo # 3: Utilizar datos moleculares para desarrollar un programa comprensible de manejo para la metapoblación de guacamayas rojas en la Selva Maya. Éste incluirá la determinación genética de las poblaciones fuente *ex situ* para contestar las interrogantes acerca de la taxonomía y ancestros, diseñar un plan de manejo genético, e identificar a candidatos potenciales para liberación.

MÉTODOS:

Colecta de muestras

Las muestras genéricas serán obtenidas de dos fuentes primarias. Se colectarán plumas de adentro de las cavidades de anidación o debajo de éstas, o de pichones de guacamaya a punto de volar. Muestras de tejido serán tomadas de especímenes de museo colectados entre 40-120 años atrás para proveer el contexto histórico de los patrones genéticos observados en las poblaciones remanentes.

Marcadores Moleculares

- **Secuencias Mitocondriales:** El genoma mitocondrial es una pieza de ADN heredado de la madre que provee una herramienta útil para los genetistas para la conservación. Diferentes regiones de los genes mutan a tasas distintas, y proveen la oportunidad de evaluar la variación genética a múltiples niveles jerárquicos.
- **Microsatélites:** Estos marcadores son segmentos cortos de nucleótidos repetidos con variantes designadas por el número de repeticiones de motivos (p. ej. CT₄=CTCTCTCT). Los microsatélites exhiben altos niveles de variabilidad facilitando el análisis de la genética de poblaciones y el parentesco individual.
- **Secuencias Nucleares:** Las secuencias nucleares y los polimorfismos de los nucleótidos individuales (SNPs) asociados mutan a una tasa mucho más lenta y son utilizados para inferir eventos de divergencia antiguos como los que ocurren entre unidades taxonómicas.

Resolución Taxonómica

Para determinar la estructura histórica de la población de Guacamayas Rojas a través del rango de la especie, se extraerá ADN de especímenes de museo y de muestras de la población existente. Los datos de secuencia serán generados de cuatro regiones mitocondriales de genes (12S, 16S, citocromo oxidasa I y citocromo b). Los polimorfismos de los nucleótidos individuales (SNPs) serán utilizados para caracterizar la variación genética nuclear. El análisis de datos seguirá un enfoque de análisis de agregación de la población (identificando caracteres diagnósticos de nucleótidos) y de árbol filogenético para cuantificar la variación intraespecífica y diagnosticar las unidades de conservación.

Evaluación de la Población In Situ- Selva Maya

Se generarán datos de microsatélites y secuencias control de regiones mitocondriales utilizando las muestras colectadas de las poblaciones remanentes en Guatemala, México y Belice. Se utilizarán los haplotipos, nucleótidos y la diversidad alélica para determinar el grado de diversidad genética. Las distancias genéticas tradicionales F_{ST} y la inferencia Bayesiana serán utilizadas para determinar la estructura de la población y las tasas de migración. Los datos provenientes de los especímenes de museo colectados en la Selva Maya antes de la fragmentación de la población proveerán una línea base para inferir los cambios temporales en los parámetros genéticos poblacionales antes mencionados.

Evaluación de la Población Ex Situ- Aviarios Mariana

En Guatemala se han identificado dos aviarios de reproducción en cautiverio como fuentes potenciales para la población para futuros esfuerzos de reintroducción. Aviarios Mariana es un aviario privado y la Asociación de Rescate y Conservación de Vida Silvestre (ARCAS) es un centro de rehabilitación y rescate para animales confiscados. Un análisis preliminar de los genotipos fundadores en cada una de las instalaciones será utilizado para determinar la fuente

más apropiada para la población. Posteriormente se utilizarán datos de microsatélites para generar genotipos multilocus para cada individuo. Un detallado programa de manejo será desarrollado basado en un análisis del grado de parentesco y la identificación de la importancia genética de los individuos.

RESULTADOS PRELIMINARES:

- El análisis de los datos mitocondriales revelaron cuatro distintos haplogrupos basados en diferencias de los nucleótidos fijados (Fig.1). El solapamiento geográfico entre los haplogrupos rojo y amarillo aboga porque estas poblaciones sean tratadas como una sola unidad taxonómica. Un patrón similar es observado en los haplogrupos verde y azul, sugiriendo que ambos también deben ser considerados como una sola unidad taxonómica. Interesantemente, el límite entre ambos grupos de haplotipos concuerda con los límites de las subespecies. Esta observación apoya la designación de *A. m. cyanoptera* y *A. m. macao* como dos unidades de conservación operacionales.
- Regiones de haplotipos mitocondriales control compartidos proveen evidencia de un flujo genético entre los sitios de anidación en Guatemala y Belice, lo cual promueve esfuerzos de manejo en colaboración entre ambos países.
- Altos niveles de diversidad mitocondrial están aún presentes en la Selva Maya y deben ser vistos como un signo alentador por los manejadores locales.
- Individuos nativos y no nativos han sido encontrados en cautiverio, por lo tanto se debe tener precaución al diseñar programas de reproducción para producir juveniles para liberación.

FIGURAS:

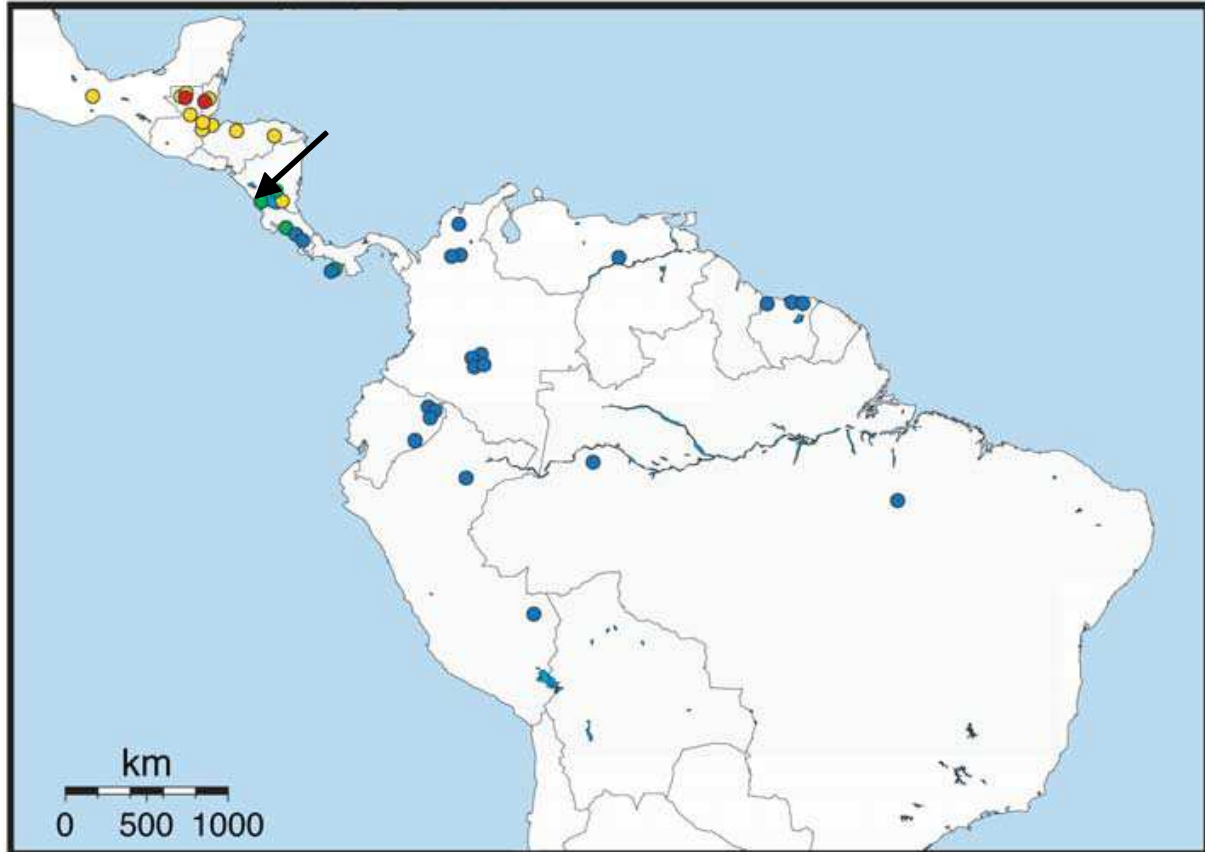


Figura 1. Mapa que ilustra la distribución geográfica de los haplogrupos mitocondriales. La flecha señala los límites de las subespecies entre Nicaragua y Costa Rica.

REFERENCIAS:

- Davis, J. I. y K. C. Nixon. 1992. Population, genetic variation, and the delimitation of phylogenetic species. *Systematic Biology* **41**:421-435.
- Forshaw, J.M. 2006. *Parrots of the world: An Identification Guide*. Princeton University Press: Princeton, NJ.
- Iñigo-Elías, E. 1996. Ecology and breeding behavior of the Scarlet Macaw (*Ara macao*) in the Usumacinta drainage basin of Mexico and Guatemala. PhD thesis, University of Florida, Gainesville, Florida.
- Iñigo-Elías, E., G.C. Arroyo, R.J. Cruz, I.J.M. Misfut, S. Matola, y M.C. Paiz. 2001. Estrategia regional y plan de acción 2001-05 para la conservación de la guacamaya roja (*Ara macao cyanooptera*) en la Selva Maya. Preparado por Guacamayas sin Fronteras.
- Juniper, T. y M. Parr. 1998. *Parrots: A Guide to Parrots of the World*. Yale University Press: New Haven, CT.
- Morin, P.A., G. Luikart, R.K. Wayne, y el grupo del taller SNP. 2004. SNPs in ecology, evolution and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, **19**:208-216.

- Moritz, C. 1999. Conservation units and translocations: Strategies for conserving evolutionary processes. *Hereditas* **130**:217-228.
- Ridgely, R. 1981. The current distribution and status of mainland neotropical parrots. In R.F. Pasquier, ed. *Conservation of New World Parrot*. Smithsonian Institution Press: Washington, D.C.
- Russello, M.A. y G. Amato. 2004. *Ex situ* population management in the absence of pedigree information. *Molecular Ecology*, **13**:2829-2840.
- Storfer, A. 1999. Gene flow and endangered species translocations: a topic revisite. *Biological Conservation* **87**:173-180.
- Vogler, A. y R. DeSalle. 1994. Diagnosing units of conservation management. *Conservation Biology*. 8:354-363.
- Wiedenfeld, D. 1994. A new subspecies of scarlet macaw and its status and conservation. *Ornitologia Neotropical*, **5**:99-104.