

La estudiante de doctorado en Ciencias de Vida

Silvestre y Pesca, Xóchitl de La Rosa, y los profesores Luis A. Hurtado y Mariana Mateos están estudiando los aspectos de la genética de conservación de la tortuga marina lora con metodologías genómicas de vanguardia. La tortuga lora es la tortuga marina más amenazada del mundo y tiene una de las distribuciones más pequeñas entre las tortugas marinas, confinada principalmente al Golfo de México. La mayor anidación de la tortuga lora (> 90%) ocurre a lo largo de un tramo costero corto (~ 78 millas) en el estado fronterizo mexicano de Tamaulipas, donde el sitio de Rancho Nuevo de 16 millas de largo alberga la mayor cantidad de nidos por temporada (~ 80%). En los E.U.A., la mayor anidación se produce en la costa de Texas, donde la Costa Nacional Isla Padre (PAIS) alberga la mayor cantidad de nidos (~ 1000 entre 2002 y 2015). Después de experimentar un estancamiento severo y sostenido que puso a esta especie al borde de la extinción, esta parece estar recuperándose con éxito, después de décadas (desde 1978) de los esfuerzos binacionales México-Estados Unidos destinados a su recuperación. Desafortunadamente, la anidación se redujo severamente en ~ 35% durante 2010, el año del derrame de petróleo de BP Deepwater Horizon en el Golfo de México, en comparación con 2009. Aunque la anidación se recuperó en 2011 y 2012 a niveles similares a 2009, la anidación disminuyó drásticamente nuevamente durante 2013 y experimentó una nueva caída durante 2014. En caso de que la anidación continúe disminuyendo, ¿los esfuerzos de recuperación de especies a largo plazo se verán comprometidos?

Por lo tanto, existe una gran preocupación sobre el futuro de la tortuga lora, y se necesitan con urgencia datos para informar y evaluar la gestión binacional y las medidas de conservación. La información genética de

la población es crucial para la conservación a largo plazo

de la tortuga lora, incluidos los datos básicos necesarios para monitorear su estado futuro.



Muestreo para proyecto de análisis genético en el Santuario Playa de Rancho Nuevo (en la imagen Xóchitl de la Rosa de Texas A & M, College Station y Víctor Ontiveros de la Universidad Autónoma de Tamaulipas).

Estos estudios, sin embargo, han sido severamente limitados, debido a: (1) la logística compleja asociada con el muestreo en las principales playas remotas de anidación y la responsabilidad de asegurar los permisos relacionados; y (2) la escasez de marcadores genéticos informativos. El año pasado, utilizamos métodos genómicos de vanguardia y descubrimos más de 30,000 polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) que representan la variación de todo el genoma en la tortuga lora. Aplicaremos esta poderosa técnica a cientos de especímenes que hemos muestreado durante 2014 y 2015, así como nuevas muestras que recopilaremos en las próximas temporadas de anidación. Este estudio de conservación de la genómica reunirá información básica importante para el monitoreo a largo plazo de esta tortuga marina en peligro crítico, incluyendo

estimaciones de diversidad genómica, tamaño efectivo de la población, número de reproductores, evaluación de los niveles de diferenciación de la población y detección de las marcas genómicas de los estancamientos. La investigación involucra colaboraciones de múltiples instituciones y agencias en México y los E.U.A. y está financiada por fondos de Texas Sea Grant y el programa TAMU-CONACYT.

La institución gubernamental en México a cargo de conservar los ecosistemas más representativos de México y su biodiversidad es la Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP) <http://www.conanp.gob.mx/>.



Guardería de nidos de tortugas protegidas en el Santuario Playa de Rancho Nuevo (en la imagen Xochitl de la Rosa de Texas A & M, College Station y Victor Ontiveros de la Universidad Autónoma de Tamaulipas).

Permiso de reimpresión obtenido del Dr. Luis Hurtado por Public Partnership and Outreach.