



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE QUERÉTARO

FACULTAD DE CIENCIA NATURALES



LICENCIATURA EN BIOLOGÍA

DIVERSIDAD GENÉTICA ENTRE *Odocoileus virginianus* Y
Mazama pandora EN EL NORESTE DE QUINTANA ROO

TESIS INDIVIDUAL

QUE COMO PARTE DE LOS REQUISITOS PARA OBTENER EL GRADO DE

LICENCIADO EN BIOLOGÍA

PRESENTA:

JUAN OMAR REYES SÁNCHEZ

DIRIGIDO POR:

DR. CARLOS ALBERTO LÓPEZ GONZÁLEZ

SANTIAGO DE QUERÉTARO, QRO. OCTUBRE 2020



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE QUERÉTARO
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES



Licenciatura en Biología

“Diversidad genética entre *Odocoileus virginianus* y *Mazama pandora* en el noreste de Quintana Roo”

Tesis individual

Que como parte de los requisitos para obtener el Grado de
Licenciado en Biología

Presenta:

Juan Omar Reyes Sánchez

Dirigido por:

Dr. Carlos Alberto López González

Sinodales:

Dr. Carlos Alberto López González

Presidente

Firma

Dra. Patricia Herrera Paniagua

Secretaría

Firma

Dra. Mónica Elisa Queijeiro Bolaños

Vocal

Firma

Dr. Robert Wallace Jones

Suplente

Firma

Dra. Juana Elizabeth Elton Puente

Directora

Facultad de Ciencias Naturales

Centro Universitario, Querétaro, Qro. Octubre 2020.

RESUMEN

Al trabajar con poblaciones es importante conocer su diversidad genética, la cual puede calcular mediante la riqueza alélica (A_r) o la heterocigosidad de la población. Los valores de diversidad genética dentro de una población nos permitirán saber si la población está enfrentando problemas que limitan su flujo génico. Al conocer la diversidad genética que presentan las poblaciones es posible estimar el potencial evolutivo que poseen, así como identificar y buscar solucionar los factores que puedan afectar a estas poblaciones, con la finalidad de que puedan perdurar a lo largo del tiempo. La especie *Odocoileus virginianus*, es una especie de gran valor económico, sin embargo, son pocos los estudios que se han realizado sobre las poblaciones que se encuentran al sur de México. Por otro lado, la especie *Mazama pandora*, considerada como la única especie del género y endémica de México, no presenta estudios que indiquen el estado actual de sus poblaciones. Mientras que la IUCN cataloga a *M. pandora* como vulnerable y *O. virginianus* como una especie de importancia menor la NOM-059-SEMARNAT-2010 no las considera en ninguna categoría de riesgo. Se estimó la diversidad genética de las especies *O. virginianus* y *M. pandora* en el noreste de Quintana Roo, mediante microsátélites mitocondriales para medir la heterocigosidad observada (H_o), esperada (H_e) y el índice de endogamia (F_{is}) dentro de las poblaciones muestreadas de estas especies. Los resultados mostraron que la población de *O. virginianus* presentó altos niveles de diversidad genética (H_o : 0.78). Estos resultados indican que las poblaciones presentan un tamaño capaz de mantener apareamientos al azar, así como la presencia de flujo génico entre poblaciones. Con estos resultados, se observa que las poblaciones del *O. virginianus* al sur de México tienen la capacidad para soportar los cambios causados por las actividades humanas. Este trabajo presenta el primer registro de diversidad

genética para una población de *M. pandora*. Es necesario continuar el monitoreo de las poblaciones para conocer su estado de conservación.

Palabras clave: Diversidad genética, riqueza alélica, heterocigosidad, área de distribución.

SUMMARY

When the object of the study is the population, is important to know the genetic diversity. To know the genetic status of the population, its necessary to mesure the genetic diversity with the allelic richness or the heterozygosity. In one hand, *O. virginianus* is an importatn economic specie, however the populations in sourthern Mexico don't have any genetic studies about it. On the other hand, *M. pandora*, is the only endemic specie of the genera *Mazama* for Mexico and also dont have any study about their populations. Likewise neither *O. virginianus* or *M. pandora* are in the mexican list of species in risk NOM-059 but in the IUCN list *O. virginianus* has te status of least concern while *M. pandora* has the status of vulnerable. In this study the genetic diversity it was messured for two deer species, *O. virginianus* and *M. pandora* in the northeast of Quintana Roo. The result of the analisis showed that the *O. virginianus* populations has high diverstity genetic values while M. pandora showed a good genetic diverity. Those results suggest thath both populations stills has genetic flow with other populations. Likewise this shows that sourthern *O. virginianus* populations has the capacity of support the changes that its enviroment present due human activity. At the end this is the first record about genetic diversity of *M. pandora* in Mexico, and its necessary to folows the behaivour for populations of M. pandora to know their actual status.

Key words: Genetic diversit, allelic richness, heterozygosity.

DEDICATORIAS

A mis padres

Quienes, nunca han dejado de creer en mí. Les agradezco, por ser una de mis fuentes de inspiración más grande, mis pilares ante las adversidades y el mayor ejemplo de amor desinteresado que existe en mi vida. Por eso y más, gracias.

A mis hermanas y hermanos

Porque, pese a las discusiones o la distancia, siempre estuvieron y están para mí. Soportan mis malos momentos y mis caprichos producto del estrés.

A mi familia

Mi mamá Lupita, papá Samuel y papá Estaban, por apoyarme, alentarme y enseñarme siempre con el ejemplo. Por esas disimuladas transacciones que siempre representaron un salvavidas durante la semana. Mi madrina Aida y mi padrino Héctor, por acogerme en su casa como uno más de sus hijos cuando más lo necesite.

A mi director y sinodales

Por la oportunidad de realizar este proyecto, por guiarme y enseñarme a poner en práctica lo aprendido durante la carrera. Por sus consejos y apoyo emocional.

A mi novia y mis amigos

Por acompañarme a lo largo de este camino, aguantarme en mis ausencias, dramas, ansiedades y aun así estar siempre a mi lado. Pau, Oscar, Roger, Nancy, Tere, Alex, Mane... Gracias, por tanto.

-Plus Ultra

AGRADECIMIENTOS

Agradezco al proyecto “Hábitat y movimiento del jaguar (*Panthera onca*) en un paisaje dominado por los humanos en la Península de Yucatán, 2019-2021”, en colaboración con Sac-Tun. Asimismo, agradecemos a Sac-Tun por el acceso a sus terrenos y al Ejido Manuel Antonio Ay por el permiso para trabajar dentro de los predios que conforman la propiedad. Del mismo modo, agradecemos a la SEMARNAT por la autorización de colecta científica número (No. SGPA/DGVS/04837/19).

Agradezco al Dr. Carlos Alberto López González, por brindarme la oportunidad de formar parte de este proyecto. El apoyo y los consejos, pero, sobre todo, por sus enseñanzas y ser un guía tanto en la carrera como en este proyecto de tesis.

Agradezco a la Dra. Patricia Herrera Paniagua, por todo su apoyo y consejos a lo largo de la carrera. Por ser la primera profesora que creyó en mí y siempre alentarme a cumplir mis objetivos. Por ser más que mi profesora, ser mi amiga.

Agradezco a Dra. Mónica Elisa Queijeiro Bolaños, por sus comentarios y paciencia al resolver mis dudas y explicarme la forma correcta de llegar a las respuestas.

Agradezco al Dr. Robert Jones por sus enseñanzas en el salón de clases y en las prácticas de campo. Por ser el primero en mostrarme lo que significa para un biólogo el trabajo en campo, los retos a los que uno se puede enfrentar y sus recompensas.

Agradezco al técnico de laboratorio del Laboratorio de Zoología FCN, Gabriela M. Camargo Aguilera, su apoyo para la realización de este trabajo de tesis fue fundamental. Le agradezco profundamente, la paciencia y la guía que me ofreció mientras realizaba los análisis.

Agradezco al equipo de trabajo del Laboratorio de Zoología, entre ellos a Giovanna, Fer, Emma, y Rugieri, así como a los alumnos de servicio social que fueron pieza fundamental para que el trabajo de campo se pudiera llevar a cabo.

ÍNDICE

I.	Marco teórico	9
II.	Antecedentes	12
II.1	<i>Diversidad genética en <i>Odocoileus virginianus</i>.....</i>	12
II.2	<i>Diversidad genética <i>Mazama pandora</i>.....</i>	16
III.	Justificación.....	19
IV.	Hipótesis	19
V.	Objetivo	19
VI.	Materiales y métodos.....	20
VI.1	<i>Trabajo de campo.....</i>	20
VI.1.1	Área de estudio	20
VI.1.2	Colecta de muestras	21
VI.2	<i>Trabajo de Laboratorio.....</i>	21
VI.2.1	Extracción de ADN	21
VI.2.2	PCR y selección de cebadores y microsatélites.....	22
VI.3	<i>Análisis de datos.....</i>	24
VI.3.1	Identificación de individuos	24
VI.3.2	Equilibrio Hardy-Weinberg y Estadísticos F.....	24
VI.3.3	Estimación de población y población efectiva	25
VII.	Resultados	26
VII.1	<i>Identificación de individuos</i>	26
VII.1.1	Equilibrio Hardy-Weinberg.....	27
VIII.	Discusión.....	31
VIII.1	<i>Estimación de población e identificación de individuos</i>	31
VIII.2	<i>Diversidad genética.....</i>	31
VIII.2.1	Análisis de diversidad genética por años.....	31
VIII.2.2	<i>Odocoileus virginianus</i>	33
VIII.2.3	<i>Mazama pandora</i>	36
VIII.2.4	Diferencia entre las especies.....	39
IX.	Conclusiones.....	40
X.	Literatura citada.....	40

INDICE DE FIGURAS

Figura II-1 Mapa de distribución de <i>Odocoileus virginianus</i>	13
Figura II-2 Mapa de distribución de <i>Mazama pandora</i>	16
Figura VI-1 Área de estudio	20
Tabla VI. Microsatélites seleccionados para la identificación de individuos	24
Tabla VII.1 Número de individuos colectados por año	27
Tabla VII. 2 Resultados de prueba Hardy- Weinberg para <i>O. virginianus</i>	27
Tabla VII. 3 Resultados de prueba Hardy- Weinberg para <i>M. pandora</i>	28
Tabla VII. 4 Resultados de prueba Hardy- Weinberg para ambas especies	28
Tabla VII. 5 Resultados de prueba Hardy- Weinberg entre sexos de <i>O. virginianus</i>	29
Tabla VII. 6 Resultados de prueba Hardy- Weinberg entre sexos de <i>M. pandora</i>	29
Tabla VII. 7 Comparación entre <i>O. virginianus</i> y <i>M. pandora</i>	30
Tabla VIII. 1 Comparación de diversidad genética reportada en otros estudios	33

I. MARCO TEÓRICO

La diversidad genética de una población se traduce como las diferencias existentes en el material hereditario de los individuos, otorgándoles a las poblaciones la capacidad de resistir los cambios en su medio. A través de la diversidad genética podemos analizar la historia evolutiva de las especies, determinar la estructura genética dentro y entre poblaciones, así como inferir el potencial evolutivo de una población (Allendorf *et al.*, 2013). Al mismo tiempo, es un factor importante para la viabilidad de los ecosistemas, ya que al perderse puede afectar de manera directa sobre la composición ecológica de las poblaciones o en niveles de organización más elevados (Spielman, 2019). La diversidad genética se ve afectada por múltiples factores que impactan de manera negativa, ya que en la naturaleza las especies enfrentan procesos como el cambio climático, la contaminación, la depredación, la introducción de especies y el surgimiento o modificación de enfermedades (Frankham, 2005).

Cuando se trabaja con poblaciones es importante conocer o estimar el tamaño que tiene la población (N) estudiada, tomando en cuenta que el dinamismo de las poblaciones indica que su tamaño varía a través del tiempo y entre poblaciones; asimismo, se verá afectado por la disponibilidad de recursos y el tamaño del hábitat (Gallina & López-González, 2011). Por otro lado, cuando se estudia una población desde un enfoque genético, resulta conveniente calcular la población efectiva (N_e), lo cual nos permitirá conocer el número de individuos que nuestra población requiere para mantener su diversidad genética (Cabrero & Camacho, 2000; Eguiarte *et al.*, 2007).

Al analizar la diversidad genética de una población, la riqueza alélica (A_r) y la heterocigosidad son métodos que permiten determinar la diversidad genética dentro de la población. La riqueza alélica (A_r) permite conocer la diversidad del estado en el que una

población se encuentra, ya que permite detectar si la población ha experimentado una disminución en su diversidad genética recientemente. Por otro lado, al utilizar la heterocigosidad se manejan dos mediciones que permitirán conocer el estado en el que se encuentra la población, 1) la heterocigosidad observada (H_o) con la que se observará el número de heterocigotos para un mismo locus, y 2) la heterocigosidad esperada (H_e), que muestra el número de individuos heterocigotos que se esperarían ver, si la población cumple con los parámetros de Hardy-Weinberg (HWE) (Balkenhol *et al.*, 2016). De forma general, la heterocigosidad observada (H_o) es uno de los métodos más empleados para determinar la diversidad dentro de una población y determinar si la población está presentando una disminución de su diversidad genética, a causa de factores como el aislamiento o fragmentación del hábitat (Allendorf *et al.*, 2013).

Dentro de poblaciones pequeñas o aisladas, la probabilidad de que los individuos presenten apareamientos endogámicos, es alta, generando una inevitable pérdida de diversidad genética, la cual podría poner en riesgo la supervivencia de la población ante las presiones de selección que puedan enfrentar (Allendorf *et al.*, 2013; Spielman, 2019). Al mismo tiempo, la fragmentación del hábitat de una población aislada, puede acelerar la pérdida de diversidad genética, ya que este factor afecta de forma directa el tamaño de una población. Con el paso del tiempo, el acumulamiento de estos factores negativos pueden causar la extinción de la población (Spielman, 2019).

En la actualidad, la fragmentación del hábitat es una de las mayores amenazas que enfrentan las especies a nivel mundial, la cual puede generar problemas genéticos y demográficos en sus poblaciones. Por ejemplo, el interrumpir el flujo genético entre las poblaciones al limitar o impedir el movimiento de los individuos, puede generar eventos de endogamia que

reducirán la diversidad genética, afectando directamente la resiliencia de las especies (Fraser *et al.*, 2019). Otro escenario que puede ocurrir, como resultado de la fragmentación del hábitat, es la reducción de la población. Estas poblaciones reducidas pueden enfrentarse a eventos estocásticos, como catástrofes naturales, que podrían condenar a la población a la extinción (Villanova *et al.*, 2017).

Debido a la gran importancia de la diversidad genética, la unión internacional para la conservación de la naturaleza (IUCN) la reconoce como uno de los tres elementos globales prioritarios para la conservación. Dado que las poblaciones de especies amenazadas, presentan poblaciones reducidas, donde la pérdida de la diversidad y la endogamia son inevitables, los programas de manejo de especies tienen como una de sus prioridades, minimizar la pérdida de la diversidad y la endogamia en las poblaciones (R. Frankham, 2005; Richard Frankham, *et al.*, 2004).

Actualmente existen numerosos trabajos que hablan sobre el impacto de la fragmentación en la diversidad genética de poblaciones de carnívoros. Sin embargo, son pocos los que hablan sobre cómo se han visto afectadas las poblaciones de sus presas como los ungulados, en América, ante estos cambios, pese a que se ha mencionado la alta sensibilidad que presentan ante la fragmentación de su hábitat (Fraser *et al.*, 2019). No obstante, para poblaciones de *Odocoileus virginianus*, se ha reportado la tendencia de presentar una diversidad genética mayor a la esperada, lo que puede ser producto de su alta capacidad reproductiva y resiliencia (Hewitt, 2011; Nelson *et al.*, 2020). Mientras que para *Mazama pandora* no existen datos que permitan conocer el comportamiento de sus poblaciones.

II. ANTECEDENTES

II.1 *Diversidad genética en *Odocoileus virginianus**

A pesar de la gran importancia económica que el venado cola blanca representa a lo largo de su distribución (Figura II-1) en Latino América, los estudios de diversidad genética son escasos. Por ejemplo, De la Rosa-Reyna *et al.* (2012) recopilaron datos genéticos de cinco subespecies de venado cola blanca en México, para evaluar y comparar la diversidad genética que existe entre ellas, y así poder evaluar la clasificación existente de las subespecies por medio de su delimitación geográfica. Siendo este uno de los artículos más citados por abarcar gran parte de la distribución de venado cola blanca. Donde observaron que las poblaciones al norte del país de la sub especie *O. v. texanus* presentaban una mayor diversidad genética debido a su alta heterocigosidad observada (H_o : 0.53), así como una mayor riqueza alélica (A_r : 4.3) en comparación a otras de las subespecies muestreadas; principalmente al comparar contra la sub especie *O. v. yucatanensis* que presentó los valores más bajos entre las sub especies muestreadas (A_r : 3.2; H_o : 0.41) (De La Rosa-Reyna *et al.*, 2012).



Figura II-1. Mapa de distribución de *Odocoileus virginianus*. Basado en Gallina-Tessaro (2019).

Es importante resaltar que para este análisis se emplearon alelos privados para medir la diversidad genética, algo poco común, ya que, al hacer la comparación entre diferentes poblaciones los valores presentarán una variación alta. Los autores explican que la alta diversidad de *O. v. texanus* se debe a que es una especie de gran importancia cinegética, lo cual ha resultado en una buena conservación de la especie con diferentes planes de manejo y un hábitat continuo. Sin embargo, en el caso de la subespecie *O. v. yucatanensis* no se le ha prestado el mismo interés, pese a formar parte importante de la caza de supervivencia de la parte sur del país. De igual manera, sugieren que la baja diversidad observada en *O. v. yucatanensis* es un patrón que se presenta en poblaciones aisladas o ubicadas en la periferia del rango de distribución de una especie (De La Rosa-Reyna *et al.*, 2012).

Un caso similar al mencionado por De la Rosa-Reyna (2012), es la situación de *O.v. clavium* (Key deer), en la actualidad se ha observado que el aislamiento afecta su diversidad genética. Villanova *et al.* (2017) en su trabajo compararon la población de Key deer contra poblaciones continentales, no aisladas, de venado cola blanca. Sus resultados mostraron que, efectivamente, la población de Key deer presentaba una menor variabilidad genética (H_o : 0.30) que la que presentaban las poblaciones continentales (H_o : 0.65-0.73). De igual manera, sus resultados mostraron la presencia de un alelo privado como resultado del aislamiento de la población. El resultado, mencionan, es algo que se espera observar en una población que, al ser confinada a un área pequeña con recursos limitados muestre una reducción en su diversidad genética, similar a lo mencionado por de la Rosa-Reyna *et al.* (2012) para la sub especie *O.v. yucatanensis*, debido al cuello de botella que experimento la población en los 50's.

Por otro lado, en Colombia, Suárez P. *et al.* (2017), buscaban determinar la variabilidad genética de una población de *O. virginianus* en semicautiverio, en el departamento de Boyacá, donde utilizaron 10 individuos de la población y cinco microsatélites para estimar la diversidad. Sus resultados mostraron que la población presentaba bajos niveles de diversidad genética (H_o : 0.56) y riqueza alélica (A_r : 3.1). Es necesario resaltar que el tamaño de muestra utilizado en este trabajo fue bajo, sin embargo, guarda similitud con las conclusiones de De la Rosa-Reyna *et al.* (2012).

En todos estos casos, se observa la tendencia de que las poblaciones pequeñas o poblaciones aisladas presentan una baja diversidad genética. Sin embargo, en algunos trabajos con poblaciones reducidas, aisladas o bajo alguna presión de selección se ha encontrado el resultado contrario. En 2020 Castillo-Rodríguez y colaboradores. realizaron un estudio en

una población en semicautiverio en La UMA El Pochote, Veracruz, para determinar la diversidad genética de la población, empleando microsatélites, previamente empleados por De la Rosa-Reyna *et al.* (2012). Sus resultados fueron muy diferentes a los reportados anteriormente pues presentaban una heterocigosidad observada (H_o : 0.99) mayor a la heterocigosidad esperada (H_e : 0.90) para la población. Este resultado no concuerda con lo que se ha mencionado para poblaciones pequeñas o aisladas por lo que explican que tal vez este resultado es porque la población presentó un cuello de botella, proceso por el cual, en ocasiones, la diversidad genética es más alta en determinado momento, para posteriormente disminuir (Castillo-Rodríguez *et al.*, 2020).

No obstante, se han reportado poblaciones, donde su diversidad genética se comporta de manera diferente a lo esperado, sin presentar rasgos de un cuello de botella. Al analizar la diversidad genética en poblaciones del este de Maryland, USA (Sheffield *et al.*, 1985), se observó que la diferencia en la proporción de sexos en la muestra, podía afectar la heterocigosidad observada de la población. Por otro lado, DeYoung *et al.* (2003), analizaron los efectos genéticos que ocasionó la inserción de individuos a poblaciones del sudeste americano, donde observaron que las poblaciones de *O. virginianus* presentan una gran resiliencia a la modificación de hábitat, así como un rápido crecimiento poblacional, motivo por el cual, su diversidad genética suele presentar valores altos. Recientemente, Suzanne *et al.* (2020), reportaron un comportamiento inusual en la heterocigosidad de una población aislada en las islas vírgenes de E.U.A., ubicadas en el caribe. Sus resultados mostraron un valor de heterocigosidad elevado, al tratarse de una población restringida e isleña. Sugieren que factores como la falta de depredadores, el rápido crecimiento poblacional y el flujo genético recurrente han proporcionado a la población una diversidad genética estable.

II.2 Diversidad genética *Mazama pandora*

Para el género *Mazama*, son muy pocos los trabajos que existen sobre diversidad genética, así como estudios en general para el género. Mandujano (2004) realizó una recopilación bibliográfica sobre los estudios de cérvidos en México, donde concluye que, tanto *M. pandora* como *M. americana*, eran las especies de venado menos estudiadas, aún y cuando enfrentan las mismas problemáticas que *O. virginianus*. También, mencionan la importancia de realizar más estudios de *M. pandora*, pues es endémica a nuestro país (Figura II-2). Gallina *et al.* (2019) recopilaron información sobre el género *Mazama*, en el cual mencionan que la poca información existente sobre esta especie se centra en análisis de dieta o como menciones en estudios con otros objetivos, en los cuales es captada en registros fotográficos o de video de forma accidental.



Figura II-2. Mapa de distribución de *Mazama pandora*. Basado en IUCN (2019).

Existe gran controversia respecto a la taxonomía de los venados del nuevo mundo, debido a las incongruencias que surgen al realizar comparaciones morfológicas y genéticas de las especies de venado del nuevo mundo. El género *Mazama* presenta grandes incongruencias dentro de su taxonomía, por lo cual los trabajos dentro de este género se han enfocado en cuestiones filogenéticas. (Gallina-Tessaro, 2019). Duarte *et al.* (2008) reviso la taxonomía del género a partir de citocromo b (Cyt-B), en sus resultados observaron que el género se dividía en dos grupos, el clado rojo y el clado gris. Donde se mostraba que el clado rojo presentaba una gran cercanía con el género *Odocoileus*. Así mismo, los autores mencionan que los integrantes de este grupo, a lo largo de su historia biológica, han presentado una menor plasticidad ecológica, lo que ha resultado en el aislamiento de algunas de las especies que lo conforman.

Gutiérrez *et al.* (2017) emplearon ADN mitocondrial (mtDNA) para analizar la taxonomía de los venados americanos y nuevamente el género se separa en dos grupos, mostrando la ubicación de *M. pandora*, como parte del clado de venados rojos, así como una cercanía al género *Odocoileus*, principalmente con las subespecies *O.hemionus. sitkensis* y *O.h. colombianu*. Llama la atención la cercanía genética que presenta *M. pandora* con estas subespecies, debido a la gran distancia geográfica que existe entre ellas pues estas se distribuyen en los límites entre Washington y Oregón, y Alaska, las cuales, de acuerdo a Gutiérrez *et al.* (2017), el aislamiento y el reducido tamaño de sus poblaciones son las características que comparten.

Si bien para *M. pandora*, no hay trabajos de diversidad genética, para otras especies del mismo género, se han realizado algunos trabajos. En 2010, Márcio Leite estandarizó una técnica para el muestreo de *M. americana* en un sitio donde la población se ha visto afectada

por el impacto humano en Sao Paulo, Brasil. En el sitio se muestrearon 30 individuos, en los cuales midió la diversidad genética por medio de cinco microsatélites. En sus resultados se observa que la riqueza alélica (A_r) de la población es de 4.2, y su heterocigosidad observada (H_o) también se muestra elevada (0.75), considerando que la ubicación se encuentra cercana a zonas urbanas (Márcio Leite de Oliveira, 2010).

Al considerar que *M. pandora* se encuentra genéticamente cercana a las subespecies *O.h. sitkensis* y *O.h. colombianu*, es necesario revisar los trabajos que se han hecho sobre estas dos especies. Para *O. hemionus*, el estudio realizado por Latch *et al.* (2014) es de gran importancia porque analizaron la estructura genética de la especie a lo largo de toda su distribución. Sus resultados mostraron que la sub especie *O.h. sitkensis* al encontrarse aislada, presenta una variabilidad genética mucho menor a la que presentan otras subespecies. Por otro lado, las poblaciones de *O.h. colombianus* presentaron una diversidad genética mayor. En este caso, los resultados parecen coincidir con las conclusiones de De la Rosa-Reyna *et al.* (2012), donde menciona que las poblaciones aisladas o que se encuentran en la periferia de la distribución de una especie, suelen presentar una menor diversidad genética.

Otro estudio realizado en el mismo año por Matthew *et al.* (2015) también proporcionó datos de diversidad genética de una población de *O.h. colombianus* cercana a la reportada por Latch E. *et al.* (2014), en el cual la heterocigosidad observada y esperada mostraban el mismo valor (H_o : 0.7), un valor que podría sugerir, al igual que en lo reportado por Castillo Rodríguez *et al.* (2020), la ocurrencia de un cuello de botella en la población.

III. JUSTIFICACIÓN

Las poblaciones de *O. virginianus* y *M. pandora* en la península de Yucatán presentan características similares en su hábitat. Ambas están en hábitats que sufren, fragmentación y urbanización, el aislamiento de las poblaciones, y la constante amenaza de la cacería ilegal o de sustento. Estas condiciones sugieren que la diversidad genética de ambas poblaciones estará reducida (Gallina-Tessaro, 2019). Sin embargo, mientras que la IUCN considera que *O. virginianus* es una especie de preocupación menor, a *M. pandora* se le cataloga como una especie vulnerable, señalándose la falta de información sobre el estado de sus poblaciones. Por otro lado, a pesar de las adversidades que enfrentan ambas especies, ninguna se encuentra dentro de la NOM-059-SEMARNAT. Así mismo, la falta de información para estas especies en el sur de México, resalta la necesidad de realizar estudios que permitan conocer el estado de sus poblaciones y con base a ellos llevar a cabo planes de manejo que permitan la prevalencia de las poblaciones.

IV. HIPÓTESIS

Se espera que *O. virginianus* presente una baja diversidad genética, de acuerdo a lo reportado por De la Rosa-Reyna *et al.* (2012). Asimismo, *M. pandora*, al ser una especie endémica que enfrenta las presiones de la actividad antropogénica, se espere que muestre una diversidad genética menor que *O. virginianus*.

V. OBJETIVO

Estimar y comparar la diversidad genética de las poblaciones de dos especies de venado, *M. pandora* y *O. virginianus*, en el noreste de Quintana Roo.

VI. MATERIALES Y MÉTODOS

VI.1 Trabajo de campo

VI.1.1 Área de estudio

El área de estudio donde se colectaron las muestras, se concentró dentro del polígono de un predio privado en el municipio de Solidaridad, Quintana Roo, así como en el ejido Manuel Antonio Ay, en el municipio de Tulum, Qroo (Figura VI.1).

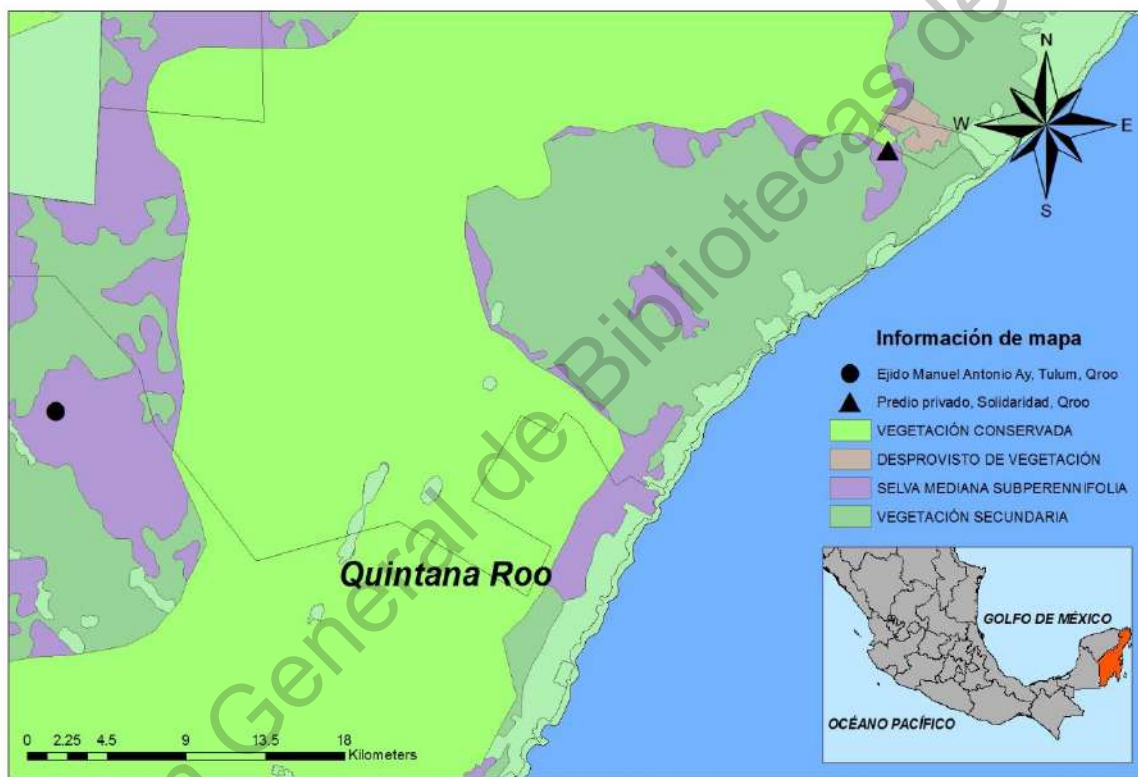


Figura VI-1. Área de estudio, municipios de Tulum y Solidaridad, Quintana Roo

Quintana Roo es uno de los estados que conforman la península de Yucatán, ubicada al sureste del país. La península es una región que presenta escaso relieve, con altitudes menores a los 400 msnm. Posee una temperatura media anual de 26° C y en los meses de diciembre, enero y febrero puede presentar temperaturas menores a 22° C. El clima que se presenta en

esta parte de la península es cálido subhúmedo con lluvias de verano, siendo la selva mediana subperennifolia la vegetación dominante.

VI.1.2 Colecta de muestras

Durante los años 2018 y 2019, se realizó la colecta de excretas en el predio privado ubicado en el municipio de Solidaridad, Qroo, y solo en 2019 en el ejido Manuel Antonio Ay. Se colectaron un total de 235 excretas de venado de forma oportunista durante recorridos realizados por las áreas de estudio. Al momento de colectar se priorizó las excretas que se observaran más frescas, evitando aquellas que presentaran contaminación por hongo. Cada excreta colectada era colocada en bolsa de papel de estraza, donde se registraba la información del sitio de colecta, así como la georreferenciación. Para cada excreta se utilizaban guantes de látex nuevos para evitar la contaminación entre muestras. Las excretas más frescas, se secaban al sol, para evitar contaminación por humedad al momento del traslado al laboratorio.

Las muestras se embalaron para su transporte por correo, una vez que recibidas en el laboratorio eran resguardadas a temperatura ambiente en un cuarto libre de residuos de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para su posterior procesamiento.

VI.2 Trabajo de Laboratorio

VI.2.1 Extracción de ADN

Para la extracción de ADN, se colocaron de 2 a 3 pellets de muestra en tubos de microcentrífuga de 1.5 mL. Utilizando el kit de extracción QIAamp ®DNA Stool Mini Kit, se siguió el protocolo del fabricante, con una modificación en la etapa de lisis que consistió en, colocar 800 µl de buffer de lisis e incubar a 50° C por 30 min. Una vez obtenido el ADN, se mantenía en refrigeración hasta su procesamiento por medio de PCR.

VI.2.2 PCR y selección de cebadores y microsatélites

Se seleccionaron los marcadores genéticos de citocromo b (CYT-B) para identificar las muestras a nivel de especies, para ello se emplearon los cebadores mcb398 “TACCATGAGGACA-AATATCATTCTG” y mcb869 “CCTCCTAGTTTGTTAGG-GATTGATCG” (Verma *et al.*, 2003), los cuales han sido ampliamente utilizados para la identificación de especie en cérvidos. La amplificación de ADN se realizó siguiendo la metodología empleada por Verma *et al.* (2003), modificando la enzima utilizada, con un volumen de reacción de 20 μ l, constituida por 10 μ L de Green Taq Master Mix (PROMEGA Corp), 0.2 μ L BSA 7.5% (Sigma-Aldrich, St. Luis, MO, USA), 0.2 μ L MgCl₂ (QIAGEN Inc., Valencia, California), 0.5 μ L de cada cebador, 5 μ L de ADN y se completaba con H₂O para PCR.

Las condiciones empleadas en el PCR fueron: desnaturalización inicial de 95° C durante 10 min; 35 ciclos de desnaturalización de 95° C de 45 segundos; la hibridación fue a 51° C por 1 min; con una extensión de 72° C por 2 min y la extensión final de 72° C por 10 min (Verma *et al.*, 2003) . Para comprobar la amplificación de ADN, se realizó una electroforesis en gel de agarosa al 2% en buffer TAE 1X, a 75 V, por 40 min (Eguiarte *et al.*, 2007).

Los productos de PCR fueron enviados a MACROGEN © para su secuenciación en un secuenciador ABI PRISM 3730 XL. Una vez obtenidas las secuencias, se alinearon mediante el programa MEGA X (Kumar *et al.*, 2018). Para identificar la especie, se realizó una comparación de la secuencia obtenida contra la base de datos de NCIB Genbank nucleotid BLAST (Altschul *et al.*, 1997).

Para la identificación de individuos, se emplearon microsatélites debido a su alto polimorfismo, la facilidad que presentan para ser analizados y la fiabilidad que poseen para

determinar alelos dentro de una población (González 2003). La selección de microsatélites nucleares, se realizó mediante una búsqueda bibliográfica de marcadores genéticos utilizados en venados. Se buscó que los marcadores presentaran una alta diversidad alélica, tendencias al equilibrio Hardy-Weinberg y baja o nula presencia de alelos nulos. Asimismo, uno de los criterios de selección de marcadores, consistió en seleccionar aquellos que más aparecieran en los trabajos de investigación, lo que permitiría la comparación de resultados (Caparroz *et al.*, 2015).

Al finalizar la búsqueda bibliográfica, se seleccionaron 6 microsatélites (Cervid 04, Cervid 07, Cervid 09, Cervid 11, Cervid 14, Cervid 17) (Tabla V.1.), previamente documentados para la identificación de cérvidos (Anderson *et al.*, 2002; De La Rosa-Reyna *et al.*, 2012; DeWoody *et al.*, 1995). Se siguieron las condiciones para PCR presentadas por De la Rosa-Reyna *et al.* (2012), donde: la desnaturalización inicial de 95° C durante 10 min, 35 ciclos de desnaturalización de 95° C de 45 segundos, la hibridación fue a 53° C por 1 min (Cervid 4, Cervid 7, y Cervid 9); o de 57° C (Cervid 11, Cervid 14, y Cervid 17); con una extensión de 72° C por 2 min y la extensión final de 72° C por 10 min (De La Rosa-Reyna *et al.*, 2012). Para evitar problemas de genotipificación y pérdida de alelos, cada muestra fue amplificada por triplicado y solo se consideró homocigoto o heterocigoto para un alelo, si la muestra es idéntica en al menos dos amplificaciones.

Los productos de PCR fueron enviados a MACROGEN © para un análisis de fragmentos, al obtener los fragmentos se empleó Genotyper v 3.7 © para calcular con precisión el tamaño de los fragmentos y desechar aquellos genotipos ambiguos con una amplificación fallida. Los resultados obtenidos se analizaron posteriormente. Cervid 14 fue el microsatélite específico para *M. pandora*, empleándose como control en las muestras de *O. virginianus*.

Tabla VI.1. Microsatélites seleccionados para la identificación de individuos

ID	Cebador Forward	Cebador Reverse
Cervid 04	F 5' ACACCAGAAAGTTCCTCCTCCTG 3'	R 5' CGGTCCATAGGGTCACAAGAGTC 3'
Cervid 07	F 5' CTTGCTTGGAAAATTCCGTGGAC 3'	R 5' TAAACATTGATGGCTTCCCACTCC 3'
Cervid 09	F 5' ATCCTGAGGGTFFTG 3'	R 5' CGCAGAGACAAACACC 3'
Cervid 11	F 5' ACAACAGCCACAACAACACTGG 3'	R 5' GTTGCCATCCAAATCATTGG 3'
Cervid 14	F 5' TCTCTTGCGTCTCCTGCATTGAC 3'	R 5' AATGGCACCCACTCCAGTAATTCTTC 3'
Cervid 17	F 5' AAATGACAACCCGCTCCAGTATC 3'	R 5' TCCGTGCATCTCAACATGAGTTAG 3'

Para la determinación del sexo se usaron los fragmentos Zn-finger en un PCR de 30 ciclos y 56°C de temperatura de alineamiento, seguido de una electroforesis en gel de agarosa al 2 % que se tiño con bromuro de etidio (Lindsay & Belant, 2008).

VI.3 *Análisis de datos*

VI.3.1 *Identificación de individuos*

La identificación a nivel de individuo se realizó mediante el programa CERVUS 3.0 © (Kalinowski *et al.*, 2007) donde se ingresó la matriz de los alelos obtenidos. El programa compara cada genotipo presente en la base de datos contra todos los demás, siguiendo el principio de no-exclusión (Kalinowski *et al.*, 2007), donde al tomar un genotipo al azar no lo descartará hasta que el genotipo difiera del seleccionado en al menos un *locus*. Para este trabajo el número que determino la diferencia entre los genotipos fue de 6/6. Al concluir el análisis, se obtuvo el número de individuos presentes en las muestras.

VI.3.2 *Equilibrio Hardy-Weinberg y Estadísticos F*

Las pruebas de Hardy Weinberg (HWE) y los estadísticos F , se estimaron mediante el paquete de R v 4.0.3, diveRsity (Keenan *et al.*, 2013). Este paquete presenta varias ventajas en comparación con otros programas, el método de bootstrapping que emplea, presenta un 95% de confianza para todas las pruebas disponibles en el paquete. En HWE toma como base

los estadísticos que emplea Genepop (Rousset, 2008), en el cual la hipótesis nula (H_0) es la unión aleatoria de gametos, siguiendo el algoritmo de cadenas de Markov (MC), el cual presenta mejores resultados al trabajar con más de 5 alelos por locus. Una gran ventaja que presenta diveRsity es la capacidad de aumentar el número de iteraciones en esta prueba, por lo cual, para este análisis se realizaron 5000 iteraciones.

De igual manera, los estadísticos F están basados en los usados por Genepop (Rousset, 2008), empleando el método propuesto por Weir & Cockerham (1984) (WC), con la misma ventaja de emplear un bootstrapping con un 95% de confianza (Keenan *et al.*, 2013), el cual permite conocer la diversidad existente entre los individuos, la diversidad de los individuos entre las poblaciones, así como, la diversidad entre las poblaciones.

Para corroborar la diferencia existente entre ambas especies, se realizó un análisis de varianza molecular (AMOVA) mediante el programa Arlequin 3.5.2.2 © (Excoffier, & Lischer, 2010), que estima la diferencia que existe entre las poblaciones directamente de la información molecular, la cual obtiene al contar el número de mutaciones presentes entre los datos moleculares proporcionados.

VI.3.3 Estimación de tamaño poblacional y población efectiva

La estimación de la población se realizó mediante el modelo de captura-recaptura (Lincoln-Petersen). En este modelo se realiza una primera captura, donde todos los individuos capturados son marcados para después liberarlos, posterior a esto se realiza una segunda sesión de captura en la misma población, donde se podrá registrar la presencia de individuos de la primera captura (recaptura) o individuos no registrados previamente. Entre más grande sea la población, el número de recapturas disminuirá (Gallina, & López-González, 2011). En este trabajo, se tomó como primera captura, a todas las muestras colectadas en el año de 2018,

y la segunda captura fue la colecta de muestras de 2019. Gracias a la identificación de individuos, es posible conocer a los individuos que fueron recapturados en 2019. Para realizar el cálculo de estimación de población se sigue la siguiente fórmula:

$$N = \frac{M (n + 1)}{R + 1}$$

Donde N es el número de individuos, M es el número de individuos capturados en la primera sesión de captura, n son los individuos capturados en la segunda sesión de capturas y R es el número de individuos recapturados entre la primera y segunda sesión de captura. Esta fórmula presenta una modificación para evitar el sesgo que ocasiona la fórmula original, en la cual se puede sobreestimar la población (Gallina & López-González, 2011).

Para calcular el tamaño de la población efectiva, siendo este el número de individuos que aportan en términos genéticos y demográficos a la siguiente generación, se empleó la siguiente fórmula:

$$N_e = \frac{(Nh)(Nm)}{Nh + Nm}$$

Donde N_e es el tamaño de la población efectiva, Nh el número de hembras presentes en la muestra y Nm el número de machos presentes en la muestra (Eguiarte *et al.*, 2007).

VII. RESULTADOS

VII.1 Identificación de individuos

Se identificaron 18 individuos de *M. pandora* muestreados entre 2018 y 2019 (Tabla VII.1.).

La estimación del tamaño poblacional (N) para esta especie resultó en 25 individuos con una población efectiva (N_e) de 55 individuos y con una proporción de sexos de 1:1.5 machos por

hembra. Para *O. virginianus* se identificaron un total de 17 individuos (Tabla VII.1.). El resultado de la estimación de su población (N) fue de 20 y el tamaño efectivo de la población (Ne) fue de 50 individuos; y la proporción de sexos fue de 1:1.4 machos por hembra.

Tabla VII.1. Número de individuos, hembras (H) y machos (M), colectados por año de las dos especies de cérvidos. Entre paréntesis se muestran el número de individuos recapturados (R) en 2019.

	<i>Odocoileus virginianus</i>			<i>Mazama pandora</i>		
	2018	2019	Total	2018	2019	Total
H	5	5 (2)	10	9	2 (1)	11
M	3	4 (1)	7	5	2 (3)	7
Total	18	9	17	14	4	18

VII.1.1 Equilibrio Hardy-Weinberg

Los análisis de HWE mostraron que en la población de *O. virginianus* para 2018 los loci Cervid 07 y Cervid 17 se encontraban fuera de equilibrio. Cervid 17 se encontró significativamente fuera de HWE, y sus valores mostraban una mayor presencia de heterocigotos a comparación de los esperados, resultado que se reafirma con los valores presentados el índice de endogamia (Fis) para este locus (Tabla VI.2). Por otro lado, Cervid 17, presenta una desviación estadísticamente significativa del HWE, que podría no ser tan evidente en la población natural, el índice de endogamia, al igual que con Cervid 07, muestra una mayor presencia de heterocigotos para este locus (Tabla VI.2). Para 2019 la población alcanza el equilibrio, sin embargo, para este año Cervid 09 se observó fuera de HWE mostrando un valor de heterocigotos mayor a lo esperado. Cervid 14 no amplificó en esta especie, por lo que no se consideró en los análisis. El valor del coeficiente de endogamia (Fst) mostró que no existe diferencia entre las muestras de los dos años, lo que sugiere que se trata de la misma población (Tabla VI.2).

Tabla VII.2. Resultados de la prueba de Equilibrio Hardy-Weinberg para *O. virginianus* respecto a cada año de muestreo. Número de alelos (A), Equilibrio Hardy- Weinberg (HWE) *(p>0.05), Heterocigosis esperada (He), Heterocigosis observada (Ho), Índice de endogamia (Fis), coeficiente de endogamia (FST).

Locus	<i>O. virginianus</i> 2018					<i>O. virginianus</i> 2019				
	A	HWE	He	Ho	Fis	A	HWE	He	Ho	Fis
Cervid 04	5	0.01	0.74	0.5	0.38	6	0	0.77	0.75	0.07
Cervid 07	5	0.17*	0.75	1	-0.25	8	0	0.74	1	-0.3
Cervid 09	5	0.02	0.71	0.5	0.36	4	0.08*	0.59	0.66	-0.07
Cervid 11	6	0.04	0.79	0.8	-0.03	7	0	0.74	0.78	-0.18
Cervid 17	4	0.06*	0.73	1	-0.3	5	0	0.74	0.85	-0.3
FST	-0.021									
Total		0.06	0.75	0.77	0.03		0.02	0.72	0.81	-0.15

Para *M. pandora* se observó que para 2018 todos los loci en la población se encontraban dentro de HWE sin embargo, presentaban un valor de heterocigotos observados mayor a lo esperado, esto mismo se observa en el valor que presenta el índice de endogamia (Fis) el cual sugiere una mayor presencia de heterocigotos (Tabla VII.3). Por otro lado, en 2019 el único locus dentro de HWE fue Cervid 09, presentó valores de heterocigosidad esperada mayores a la observada y, el índice de endogamia (Fis) se observa una mayor presencia de homocigotos. Sin embargo, la población se encuentra fuera de HWE debido a que el resto de los loci se encuentran fuera de equilibrio (Tabla VI.3).

Tabla VII.3. Resultados de la prueba de Equilibrio Hardy-Weinberg para *M. pandora* respecto a cada año de muestreo. Número de alelos (A), Equilibrio Hardy- Weinberg (HWE) *(p>0.05), Heterocigosis esperada (He), Heterocigosis observada (Ho), Índice de endogamia (Fis), coeficiente de endogamia (FST).

Locus	<i>M. pandora</i> 2018					<i>M. pandora</i> 2019				
	A	HWE	He	Ho	Fis	A	HWE	He	Ho	Fis
Cervid 04	7	0	0.77	0.64	0.2	6	0.09*	0.68	0.62	0.15
Cervid 07	6	0	0.78	1	-0.23	9	0.63*	0.86	1	-0.08
Cervid 09	5	0	0.71	0.42	0.43	5	0	0.77	0.62	0.25
Cervid 11	6	0	0.77	0.78	0.02	6	0.23*	0.78	1	-0.21
Cervid 14	5	0	0.69	1	-0.4	6	0.07*	0.78	1	-0.21
Cervid 17	4	0.01	0.68	0.85	-0.43	5	0.42*	0.76	0.87	-0.23
FST	-0.007									
Total		0	0.74	0.79	-0.07		0.25*	0.78	0.85	-0.06

La comparación total entre las dos especies, mostró que ambas especies se encontraban dentro de HWE. En los resultados observados para *O. virginianus* se obtuvo que la heterocigosidad observada (Ho) era mayor a la heterocigosidad esperada (He), resultado que concuerda con el valor que presenta el índice de endogamia (Fis) para esta población (Tabla VII.4). Por otro lado, *M. pandora* no mostró un valor de heterocigosidad observada mayor a la heterocigosidad esperada, y el índice de endogamia (Fis) que presentó esta población concuerda con estos resultados (Tabla VII.4).

Tabla VII.4. Resultados de la prueba de Equilibrio Hardy-Weinberg para ambas especies. Número de alelos (A), Equilibrio Hardy- Weinberg (HWE) *($p > 0.05$), Heterocigosis esperada (He), Heterocigosis observada (Ho), Índice de endogamia (Fis)

Locus	<i>Odocoileus virginianus</i>					<i>Mazama pandora</i>				
	A	HWE	He	Ho	Fis	A	HWE	He	Ho	Fis
Cervid 04	6	0	0.79	0.82	0.12	7	0	0.73	0.69	0.13
Cervid 07	8	0	0.77	0.81	-0.26	9	0	0.84	0.90	-0.14
Cervid 09	5	0	0.63	0.65	0.01	5	0	0.74	0.56	0.29
Cervid 11	8	0	0.81	0.83	-0.11	6	0	0.80	0.64	-0.01
Cervid 14	-	-	-	-	-	6	0	0.66	0.61	-0.21
Cervid 17	6	0	0.76	0.79	-0.26	5	0	0.72	0.69	-0.21
Total		0	0.75	0.78	-0.10		0	0.75	0.68	-0.03

Se realizó una comparación entre machos y hembras de cada especie donde, para *O. virginianus* (Tabla VII. 5) se observa que las hembras se encuentran dentro del HWE, mostrando una Ho mayor a la esperada. Mientras que los machos se observan fuera de HWE, con una Ho mucho mayor a la He.

Tabla VII.5. Resultados de la prueba de Equilibrio Hardy-Weinberg entre hembras y machos de *O. virginianus*. Equilibrio Hardy- Weinberg (HWE) *($p > 0.05$), Heterocigosis esperada (He), Heterocigosis observada (Ho), Índice de endogamia (Fis)

Locus	Hembras				Machos			
	HWE	He	Ho	Fis	HWE	He	Ho	Fis
Cervid 4	0.02	0.73	0.7	0.12	0.29	0.31	0.71	-0.01
Cervid 7	0.01	0.73	1	-0.16	0.66	0.22	1	-0.13

Cervid 9	0.07	0.59	0.5	0.01	0.05	0.39	0.86	-0.17
Cervid 11	0.01	0.75	0.9	-0.08	0.02	0.18	1	-0.10
Cervid 17	0.03	0.69	1	-0.21	0.17	0.23	1	-0.19
Total	0.03	0.70	0.8	-0.06	0.24	0.27	0.91	-0.12

Por su parte, las hembras de *M. pandora*, también se muestran dentro de equilibrio, sin embargo, la diferencia que presentan entre H_o y H_e es mucho más elevada (Tabla VII. 6).

Los machos se encuentran fuera de equilibrio y también muestran una H_o mucho mayor a la H_e .

Tabla VII.6. Resultados de la prueba de Equilibrio Hardy-Weinberg entre hembras y machos de *M. pandora*. Equilibrio Hardy- Weinberg (HWE) *($p > 0.05$), Heterocigosis esperada (H_e), Heterocigosis observada (H_o), Índice de endogamia (Fis)

Locus	Hembras				Machos			
	HWE	H_e	H_o	Fis	HWE	H_e	H_o	Fis
Cervid 4	0.02	0.30	0.73	0.01	0.09	0.24	0.57	0.31
Cervid 7	0.03	0.22	1	-0.24	0.06	0.15	1	-0.11
Cervid 9	0.09	0.30	0.64	0.14	0.01	0.28	0.43	0.47
Cervid 11	0.00	0.23	0.73	0.10	0.50	0.18	1	-0.15
Cervid 14	0.00	0.34	1	-0.49	0.50	0.19	1	-0.17
Cervid 17	0.06	0.27	0.82	-0.32	0.19	0.28	1	-0.31
Total	0.03	0.28	0.82	-0.13	0.23	0.22	0.83	0.01

El resultado del AMOVA entre las dos especies, muestra la diferencia que existe entre ellas para cada locus utilizado, así como la diferencia total (F_{st} : 0.12), el cual indica que no existe flujo génico entre ellas (Tabla VI.5).

Tabla VII.7. *M. pandora* vs *O. virginianus*. Variación entre grupos (V_a), variación entre poblaciones (V_b), coeficiente de endogamia (F_{st})

Locus	V_a	V_b	FST	P-value
Cervid 04	0	0.4	0.01	0.61

Cervid 07	0	0.41	0.01	0.16
Cervid 09	0.03	0.35	0.08	0.03
Cervid 11	0.01	0.41	0.02	0.17
Cervid 14	0.31	0.2	0.61	0
Cervid 17	0	0.39	0.01	0.44
FST Total.			0.12	

VIII. DISCUSIÓN

VIII.1 Estimación de población e identificación de individuos

La estimación de la población mostró un tamaño poblacional reducido, considerando que *O. virginianus* es una especie con una amplia distribución en el continente, siendo necesario que la población duplique su tamaño poblacional para mantener la diversidad genética que presenta. Por otro lado *M. pandora*, al igual que *O. virginianus*, precisa duplicar su tamaño para mantener la diversidad genética existente dentro de la población (Tabla VII.1).

Para la identificación de individuos no se observó desequilibrio de ligamento en los loci, lo que demuestra la eficacia de los loci empleados. Para cada especie, el contenido de información polimórfica presenta buenos valores para explicar la diversidad de la especie al explicar el 70% de la diversidad genética de *O. virginianus* y *M. pandora*. Así mismo, su eficacia permitió recopilar la información necesaria para llevar a cabo los análisis subsecuentes.

VIII.2 Diversidad genética

VIII.2.1 Análisis de diversidad genética por años

Ambas especies, *O. virginianus* y *M. pandora*, mostraron diferentes resultados para cada año, posiblemente por el tamaño de muestra obtenido. *O. virginianus* en 2018, presenta 2 locus fuera de equilibrio, siendo Cervid 17 quien presenta los valores más elevados, poniendo a la

población fuera de equilibrio. Se observa la H_o un poco más alta que la H_e (Tabla VI.2). Sin embargo, para 2019, se observa a la población dentro de equilibrio, para este año solo se observa al locus Cervid 9, fuera de equilibrio. No obstante, se aprecia una H_o con un valor más elevado que la H_e , el cual resulta congruente con lo que muestra el índice de endogamia (F_{is}), donde al presentar valores negativos sugiere una mayor presencia de heterocigotos. Valores similares se han reportado para poblaciones restringidas, en las cuales solo se ha llevado a cabo un único muestreo (Castillo-Rodríguez *et al.*, 2020; Suárez P. *et al.*, 2017) y la falta de seguimiento en los muestreos, podría ocasionar una sobre estimación en la diversidad genética y suponer la presencia de un cuello de botella reciente (Cornuet, & Luikart, 1996).

En ocasiones el exceso de heterocigosidad también podría sugerir que la población muestra resultados elevados de diversidad genética como producto del efecto Wahlund, donde el exceso de heterocigosidad observada puede ocurrir al considerar sub poblaciones como una sola población mostrando un falso apareamiento al azar (Han *et al.*, 2020; Sinnock, 1975). No obstante, un indicio de que la población está presentando este efecto es que la mayoría de los loci se encuentren fuera de HWE, lo cual no ocurrió, así mismo al realizar el análisis entre sexos se observa que los machos pueden considerarse organismos únicos dentro de esta muestra y sugiere que la población presenta un flujo génico que permite el apareamiento al azar, sustentado por los valores del índice de endogamia.

Por su parte *M. pandora* en 2018, mostró que la población se encontraba en equilibrio, sin embargo, al igual que lo ocurrido en *O. virginianus*, presentó un valor de H_o superior a la H_e . Este valor no coincide con el índice de endogamia al no ser significativamente diferente a 0. Sin embargo, para 2019, la población se observa fuera de equilibrio, y se muestra que el

único locus en equilibrio es Cervid 09. Nuevamente la H_o es mayor a la H_e y el índice de endogamia (F_{is}) no se aleja significativamente de 0. La falta de trabajos en *M. pandora*, así como para el género (Gallina-Tessaro, 2019; Mandujano, 2004), no permite la comparación con otros reportes como en el caso de *O. virginianus*.

VIII.2.2 *Odocoileus virginianus*

En el caso de *O. virginianus* (CAL) se esperaba que mostrará una diversidad genética, similar a lo reportado para *O. v. yucatanensis*, debido a que es muy probable que se trate de la misma subespecie ya que el área de distribución es la misma, sin embargo, los valores de diversidad genética que se obtuvieron (Tabla VI.4), divergen de forma considerable a lo reportado para *O. v. yucatanensis* por De la Rosa-Reyna *et al.* (2012) (Tabla VIII.1), en su trabajo observaron que esta subespecie presentó la menor diversidad genética en comparación a las otras 5 subespecies del país. Así como lo observo Villanova *et al.* (2015), al trabajar con poblaciones restringidas o ubicadas en la periferia de la distribución de la especie, se esperan valores de diversidad genética bajos (De La Rosa-Reyna *et al.*, 2012). No obstante, pese a que el área de estudio presenta características que podrían afectar de forma negativa sobre la diversidad de la especie, *O. virginianus* (CAL), presentó valores altos de diversidad, los cuales se asemejan más a los que reporta De la Rosa- Reyna *et al.* (2012), para la subespecie *O.v. carminis* (Tabla VIII. 1), ubicada en el norte del país. Al comparar la riqueza alélica, muestra valores más elevados que los reportados a para las subespecies de México, y solo se encuentra por debajo de lo reportado por Castillo-Rodríguez *et al.* (2020).

Los valores de H_o mayores a los que presenta H_e , es un comportamiento que se ha reportado en trabajos anteriores, cuando se trabaja con poblaciones de cérvidos (Nelson *et al.*, 2020; Sheffield *et al.*, 1985). Sheffield *et al.* (1985), proponían que la diferencia en la proporción

de sexos, debido a la diferencia en las frecuencias alélicas, podría mostrar valores elevados de heterocigosis observada. Por su parte Nelson *et al.* (2020), sugieren que la falta de depredadores, la poca presión selectiva, junto con la gran resiliencia genética que presenta *O. virginianus*, podrían explicar el motivo por el cual presentan altos niveles de diversidad genética, aun cuando se trabaja con poblaciones restringidas o pequeñas. En la Tabla VII. 6 se observa que las hembras de la especie *O. virginianus*, poseen una buena diversidad genética dentro del área de estudio, la estabilidad que muestran sugiere que las hembras no salen del área mientras que los valores de los machos, sugieren que cada macho es un individuo único, lo que demuestra un flujo génico con poblaciones de venados aledañas.

Tabla VIII.1. Comparación de diversidad genética de *Odocoileus* y *Mazama* reportada en otros estudios. Número de individuos (N), Loci utilizados (L), Riqueza alélica (Ar), Heterocigosis esperada (He), Heterocigosis observada (Ho), Índice de endogamia (Fis), Contenido de información polimórfica (PIC), Equilibrio Hardy-Weinberg (H₀: apareamiento al azar)

Especie/subespecie	N	L	Ar	He	Ho	Fis	PIC	HWE (p>0.05)	Autor	País
<i>O. virginianus</i>	10	5	3.1	-	0.56	-	0.51	-	Suarez P. <i>et al.</i> 2017	COL
<i>O. v. carminis</i>	12	12	3.8	0.78	0.64	0.19	-	7/12	De La Rosa-Reyna <i>et al.</i> 2012	MEX
<i>O. v. clavium</i>	173	12	3.7	0.59	0.3	-	-	11/12	Villanova V. <i>et al.</i> 2017	E.U. A
<i>O. v. texanus</i>	39	12	4.3	0.85	0.53	0.38	-	Ns	De La Rosa-Reyna <i>et al.</i> 2012	MEX
<i>O. v. veraecrucis</i>	20	12	3.7	0.76	0.59	0.23	-	Ns	De La Rosa-Reyna <i>et al.</i> 2012	MEX
<i>O. v. veraecrucis</i>	20	4	18	0.90	0.99	-0.11	-	Ns	Castillo Rodríguez <i>et al.</i> 2020	MEX
<i>O. v. yucatanensis</i>	16	12	3.2	0.68	0.41	0.42	-	Ns	De La Rosa-	MEX

									Reyna <i>et al.</i> 2012	
<i>O. v. yucatanensis</i> (Cal)	17	5	6.6	0.75	0.78	-0.10	0.7	Ns	UAQ, FCN	MEX, QROO
<i>M. americana</i>	30	5	4.9	0.78	0.75	-	-	4/5	Márcio Leite 2010	BRS
<i>M. guazoubira</i>	16	8	7.3	0.87	0.65	0.26	-	7/8	G. da Rosa 2014	UY
<i>M. pandora</i> (Cal)	18	6	6.3	0.75	0.68	-0.03	0.73	Ns	UAQ, FCN	MEX, QROO
<i>O. hemionus</i>	40	7	-	0.56	0.54	-	-	-	D. Fraser <i>et al.</i> 2019	E.U. A
<i>O.h. colombianus</i>	210	10	3.7	0.59	0.57	0.04	-	-	Latch E. <i>et al.</i> 2014	E.U. A
<i>O.h. colombianus</i> WA	210	10	3.9	0.64	0.71	-0.13	-	-	Latch E. <i>et al.</i> 2014	E.U. A
<i>O.h. crooki</i> CH	210	10	3.81	0.59	0.54	0.17	-	-	Latch E. <i>et al.</i> 2014	MEX
<i>O.h. colombianus</i>	53	16	5.9	0.7	0.7	-	-	-	Hopken M. <i>et al.</i> 2015	E.U. A
<i>O.h. hemionus</i>	25	16	5	0.6	0.5	-	-	-	Hopken M. <i>et al.</i> 2015	E.U. A
<i>O.h. sitkensis</i>	254	10	1.9	0.27	0.24	0.07	-	S	Latch E. <i>et al.</i> 2014	E.U. A
<i>Axis porcinus</i>	27	23	-	0.51	0.42	0.13	0.58	Ns	S. Angom <i>et al.</i> 2020	IND
<i>Capreolus pygargus</i>	77	6	10.7	0.62	0.64	-	0.6	-	Yuehui Li <i>et al.</i> 2020	CHN

*Número de loci no significativos (NS) entre total de loci. CALICA (Cal), Washington (WA), Chihuahua (CH)

VIII.2.3 *Mazama pandora*

Por otro lado *M. pandora* (CAL) también mostró resultados diferentes a los esperados (Tabla VI.4), ya que al tratarse de una especie endémica a la península de Yucatán (Mandujano, 2004) (Figura II.2), era de esperar una diversidad genética reducida, común en poblaciones restringidas y especies endémicas (V. Villanova, 2015). Aunado a este hecho, la península de Yucatán presenta diferentes factores que pueden poner en peligro la diversidad de esta especie como: la fragmentación del hábitat por actividades humanas, la cacería de supervivencia o deportiva, y la presencia de depredadores (Gallina-Tessaro, 2019). Así mismo, debido a la cercanía filogenética que presentó con *O.h. sitkensis* (Gutiérrez *et al.*, 2017), otra especie restringida distribuida al norte del continente, se esperaba que presentara valores de diversidad genética similares a los que se habían reportado para esta especie (Tabla VIII. 1.) (Latch *et al.*, 2014). No obstante, los valores de diversidad genética que se observaron para *M. pandora* (CAL), fueron mucho más elevados que los que presentará *O.h. sitkensis* en el trabajo de Latch *et al.* (2014).

Así mismo, al igual que en el caso de *O. virginianus*, al realizar la comparación entre sexos, se observa a que las hembras se encuentran dentro de equilibrio HW, sin embargo, presentan una H_o mucho mayor a la esperada. Los resultados sugieren que la mayoría de las hembras son individuos únicos, las cuales presentan un apareamiento al azar. Esto puede sugerir que las hembras se mueven fuera del área de estudio. Por otro lado, los machos también presentan una H_o más elevada que la H_e , sin embargo, se encuentran fuera del equilibrio HW. Los resultados sugieren que estos machos se mueven entre el área de estudio y las áreas aledañas.

Si bien, los trabajos para el género *Mazama* son pocos (Márcio Leite de Oliveira, 2010; Rosa, 2014), Márcio Leite (2010) proporciono datos genéticos para una población de *M. americana*, en Sao Paulo, Brasil. Los valores de diversidad genéticas que proporciona en su trabajo, se asemejan a lo aquí presentado (Tabla VIII.1.). Llama la atención que las áreas de estudio, para las dos especies, presentan fragmentación del hábitat a causa de actividades humanas. De acuerdo con datos filogenéticos, existe una gran distancia entre *M. americana* y *M. pandora*, sin embargo, ambas especies pertenecen al grupo de temazates rojos (Duarte *et al.*, 2008; Escobedo-Morales *et al.*, 2016; Gutiérrez *et al.*, 2017). Un grupo que presenta poca flexibilidad ecológica, lo cual ocasiono que las poblaciones de algunas de las especies dentro de este grupo se encuentren aisladas (Duarte *et al.*, 2008). Pese a estos factores que podrían poner en riesgo su diversidad genética, ambas especies parecen no mostrar efectos negativos ante estos factores, lo cual podría sugerir una mayor resiliencia a la esperada.

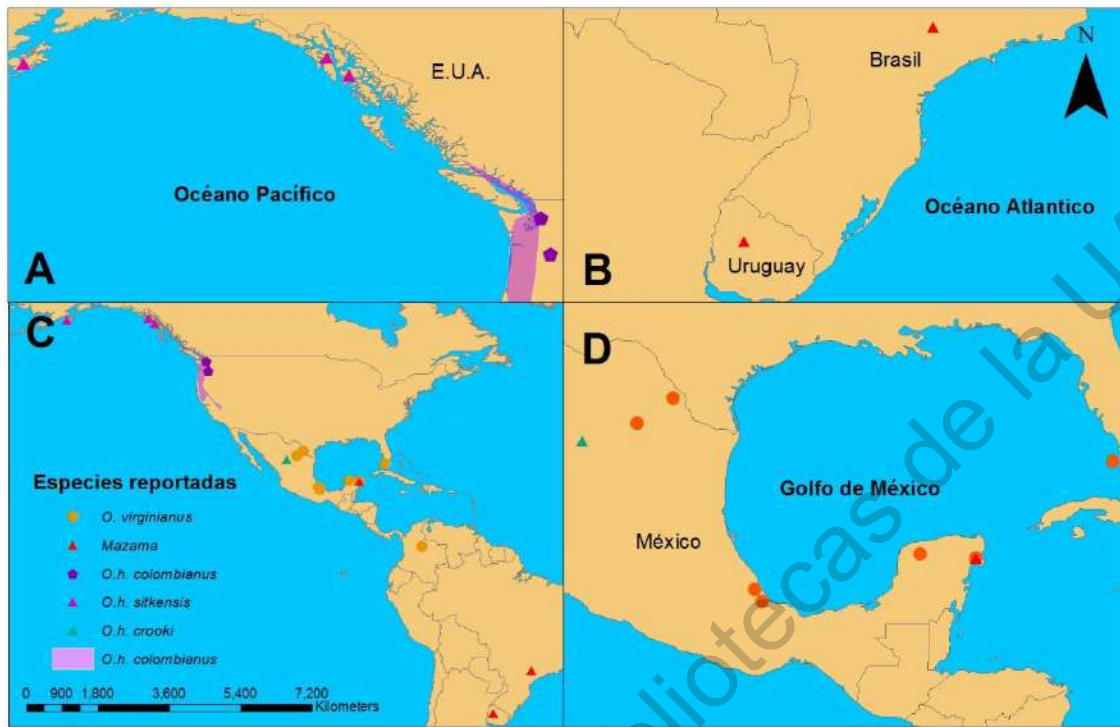


Figura VIII-1. Mapa de especies de venados reportados en la Tabla VII.1. A: Poblaciones de *O. h. sitkensis* y *O. h. colombianus* reportadas por Latch E *et al.* (2014) y Hopken M *et al.* (2015). B: Poblaciones de *M. americana* en Brasil por Leite M. (2010) y *M. guaozoubira* en Uruguay por De la Rosa G. (2014). C: Poblaciones reportadas en la tabla TVII. 1. en el continente americano. D: Poblaciones de *O. virginianus* reportadas en México y EUA por De la Rosa-Reyna *et al.* (2012), Latch E. *et al.* (2014) y la población de *O. virginianus* (CAL) y *M. pandora* (CAL) dentro del área de estudio.

A demás de proporcionar datos genéticos de la subespecie *O.h. sitkensi*, Latch *et al.* (2014) y Hopken *et al.* (2014), muestran datos para poblaciones de la subespecie *O.h. colombianus*, otra de las subespecies que se han reportado como cercanas a la especie *M. pandora* (Gutiérrez *et al.*, 2017). Estos valores, principalmente los reportados por Hopken *et al.* (2015), se asemejan mucho a los que presentó *M. pandora*. En este caso, se trata de poblaciones ubicadas al noreste de E.U.A., con las que comparten características como la fragmentación del hábitat y, así como, ubicarse filogenéticamente cercanas a *O. virginianus*.

Se utilizó a *Axis porcinus* y *Capreolus pygargus* (Tabla VIII.1) (Angom *et al.*, 2020; Li *et al.*, 2020), para comparar el comportamiento de la diversidad genética en poblaciones de especies externas al género y al continente, debido a que estas especies presentan características similares a las que se pueden encontrar en la Península de Yucatán, siendo el aislamiento, el tamaño reducido de la población, y caza ilegal o de sustento, las principales características en común.

Por último, la poca atención que ha recibido esta especie anudado a la falta de estudios genéticos presentes en el género, hace imposible la comparación de resultados. Si bien se trata de una especie endémica, y amenazada, varios autores suponen que posee la capacidad de reproducirse a lo largo del año (Gallina-Tessaro, 2019; Weber & Medellín, 2010), es posible que estas dos características le hayan proporcionado una alta diversidad genética que le ha permitido adaptarse a las adversidades que enfrenta en su área de distribución.

VIII.2.4 Diferencia entre las especies

Si bien, los resultados del AMOVA muestran que no ocurre intercambio genético entre estas dos especies (Tabla VI. 5), era necesario descartar la posibilidad de que existiera flujo génico entre ellas. Lo anterior porque se ha reportado que *O. virginianus* es capaz de aparearse con individuos de la especie *O. hemionus* (Hopken *et al.*, 2015), y ya que, de acuerdo a Gallina (2019) *M. pandora* puede aparearse a lo largo del año así como la cercanía genética que existe entre esta especie y *O. hemionus*, así como los registros de apareamiento entre *O. virginianus* con otras especies podía existir la posibilidad de apareamientos entre *O. virginianus* y *M. pandora*. El valor final que proporciona el AMOVA, no muestra una marcada diferencia en comparación a lo que se esperaría, sin embargo, demuestra que no existen apareamientos entre ambas especies y es posible que esto se deba a la cercanía

filogenética que presentan (Escobedo-Morales *et al.*, 2016; Gutiérrez *et al.*, 2017; Heckeberg, 2020).

IX. CONCLUSIONES

Los valores de diversidad genética obtenidos para ambas especies muestran que se encuentran estables dentro del área de estudio, contrario a lo que se postuló en la hipótesis del trabajo, sin embargo, *M. pandora* si presentó una diversidad menor a la que presentó *O. virginianus*, tal como se esperaba. Sin embargo, los valores de HWE sugieren que las poblaciones tienen la capacidad de mantener apareamientos al azar, así como la presencia de flujo génico con individuos externos al área de estudio, lo cual también se puede reflejar su gran capacidad de resiliencia para ambas especies.

No obstante, estos resultados no reflejan el estado actual de las poblaciones de *O. virginianus* ni mucho menos de las poblaciones de *M. pandora* en la Península de Yucatán. Es necesario realizar mas estudios que permitan conocer el estado de sus poblaciones, tomando en cuenta los factores que ponen en peligro su diversidad genética, hábitos ecológicos, historia evolutiva y dinámica poblacional dentro de la península de Yucatán.

X. LITERATURA CITADA

Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2013). Conservation and the Genetics of Populations. En *Wiley-Blackwell*. <https://doi.org/10.1192/bjp.111.479.1009-a>

Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W., & Lipman, D. J. (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. En *Nucleic Acids Research* (Vol. 25, Número 17). Oxford University Press. <https://academic.oup.com/nar/article/25/17/3389/1061651>

- Anderson, J. D., Honeycutt, R. L., Gonzales, R. A., Gee, K. L., Skow, L. C., Gallagher, R. L., Honeycutt, D. A., & DeYoung, R. W. (2002). Development of Microsatellite DNA Markers for the Automated Genetic Characterization of White-Tailed Deer Populations. *The Journal of Wildlife Management*, 66(1), 67–74. <https://doi.org/10.2307/3802872>
- Angom, S., Tuboi, C., Ullah Ghazi, M. G., Badola, R., & Hussain, S. A. (2020). Demographic and genetic structure of a severely fragmented population of the endangered HOG deer (*Axis porcinus*) in the Indo-Burma biodiversity hotspot. *PLoS ONE*, 15(2), 1–16. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0210382>
- Balkenhol, N., Cushman, S. A., Storfer, A. T., & Waits, L. P. (2016). *LANDSCAPE GENETICS*. John Wiley & Sons Ltd Registered.
- Cabrero, J., & Camacho, J. (2000). Fundamentos de genética de poblaciones. En *EVOLUCIÓN, La base de la Biología* (pp. 83–126). http://sesbe.org/sites/sesbe.org/files/recursos-sesbe/fundamentos_GdeP.pdf
- Caparroz, R., Mantellatto, A. M. B., Bertioli, D. J., Figueiredo, M. G., & Duarte, J. M. B. (2015). Characterization of the complete mitochondrial genome and a set of polymorphic microsatellite markers through next-generation sequencing for the brown brocket deer *Mazama gouazoubira*. *Genetics and Molecular Biology*, 38(3), 338–345. <https://doi.org/10.1590/S1415-475738320140344>
- Castillo-Rodríguez, R. G., Lagunes, R., Cruz-Romero, A., Núñez-Pastrana, R., Rojas-Avelizapa, L. I., Régulo, C. L.-H., & Dávila, J. A. (2020). Characterization of the genetic diversity of a population of *Odocoileus virginianus veraecrucis* in captivity using microsatellite markers. *Neotropical Biology and Conservation*, 15(1), 29–41.

<https://doi.org/10.3897/neotropical.15.e47262>

Cornuet, J. M., & Luikart, G. (1996). Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*, *144*(4), 2001–2014. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a111627>

De La Rosa-Reyna, X. F., Calderón-Lobato, R. D., Parra-Bracamonte, G. M., Sifuentes-Rincón, A. M., DeYoung, R. W., García-De León, F. J., & Arellano-Vera, W. (2012). Genetic diversity and structure among subspecies of white-tailed deer in Mexico. *Journal of Mammalogy*, *93*(4), 1158–1168. <https://doi.org/10.1644/11-mamm-a-212.2>

DeWoody, J. A., Honeycutt, R. L., & Skow, L. C. (1995). Microsatellite Markers in White-Tailed Deer. *Journal of Heredity*, *86*(4), 317–319. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a111593>

DeYoung, R. W., Demarais, S., Honeycutt, R. L., Rooney, A. P., Gonzales, R. A., & Gee, K. L. (2003). Genetic consequences of white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) restoration in Mississippi. *Molecular Ecology*, *12*(12), 3237–3252. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01996.x>

Duarte, J. M. B., González, S., & Maldonado, J. E. (2008). The surprising evolutionary history of South American deer. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, *49*(1), 17–22. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.07.009>

Eguiarte, L. E., Souza, V., & Aguirre, X. (2007). Ecología molecular. En *Ecología Molecular* (Primera ed, Número May).

Escobedo-Morales, L. A., Mandujano, S., Eguiarte, L. E., Rodríguez-Rodríguez, M. A., Maldonado, J. E., & A. (2016). First phylogenetic analysis of Mesoamerican brocket

deer *Mazama pandora* and *Mazama temama* (Cetartiodactyla: Cervidae) based on mitochondrial sequences: Implications on neotropical deer evolution. *Mammalian Biology*. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2016.02.003>

Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3), 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>

Frankham, R. (2005). Stress and adaptation in conservation genetics. *Journal of Evolutionary Biology*, 18(4), 750–755. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2005.00885.x>

Frankham, Richard, Ballou, J. D., Briscoe, D. A., & McInnes, K. H. (2004). *A Primer of Conservation Genetics*.

Fraser, D. L., Ironside, K., Wayne, R. K., & Boydston, E. E. (2019). Connectivity of mule deer (*Odocoileus hemionus*) populations in a highly fragmented urban landscape. *Landscape Ecology*, 34(5), 1097–1115. <https://doi.org/10.1007/s10980-019-00824-9>

Gallina-Tessaro, S. (2019). Ecology and conservation of tropical ungulates in latin america. En *Ecology and Conservation of Tropical Ungulates in Latin America*. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-28868-6>

Gallina, S., & López-González, C. (2011). Manual de técnicas para el estudio de la fauna. En *Manual de Técnicas para el estudio de la Fauna*. http://www.uaq.mx/FCN/Investigacion/MANUAL_DE_TECNICAS_PARA_EL_ESTUDIO_DE_LA_FAUNA.pdf

Gallina, Sonia, & López-González, C. A. (2011). *Manual de Técnicas para el estudio de la Fauna Carlos López González*.

- González, E. G. (2003). Microsatélites: sus aplicaciones en la conservación de la biodiversidad. *Graellsia*, 59(2–3), 377–388. <https://doi.org/10.3989/graellsia.2003.v59.i2-3.253>
- Gutiérrez, E. E., Helgen, K. M., McDonough, M. M., Bauer, F., Hawkins, M. T. R., Escobedo-Morales, L. A., Patterson, B. D., & Maldonado, J. E. (2017). A gene-tree test of the traditional taxonomy of american deer: The importance of voucher specimens, geographic data, and dense sampling. *ZooKeys*, 697(697), 87–131. <https://doi.org/10.3897/zookeys.697.15124>
- Han, R., Zhao, H., Li, D., & Li, H. (2020). Assessment of genetic diversity of *Cervus albirostris* (white-lipped deer) by microsatellite markers. *Animal Biotechnology*, 0(0), 1–6. <https://doi.org/10.1080/10495398.2020.1832104>
- Heckeberg, N. S. (2020). The systematics of the Cervidae: A total evidence approach. *PeerJ*, 2020(2), 1–76. <https://doi.org/10.7717/peerj.8114>
- Hewitt, D. G. (2011). *Biology and Management of White-tailed Deer* (D. G. Hewitt (ed.)). Taylor & Francis Group.
- Hopken, M. W., Lum, T. M., Meyers, P. M., & Piaggio, A. J. (2015). Molecular assessment of translocation and management of an endangered subspecies of white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*). *Conservation Genetics*, 16(3), 635–647. <https://doi.org/10.1007/s10592-014-0689-6>
- Kalinowski, S. T., Taper, M. L., & Marshall, T. C. (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, 16(5), 1099–1106. <https://doi.org/10.1111/j.1365->

294X.2007.03089.x

- Keenan, K., McGinnity, P., Cross, T. F., Crozier, W. W., & Prodöhl, P. A. (2013). DiveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution*, 4(8), 782–788. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067>
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Latch, E. K., Reding, D. M., Heffelfinger, J. R., Alcalá-Galván, C. H., & Rhodes, O. E. (2014). Range-wide analysis of genetic structure in a widespread, highly mobile species (*Odocoileus hemionus*) reveals the importance of historical biogeography. *Molecular Ecology*, 23(13), 3171–3190. <https://doi.org/10.1111/mec.12803>
- Li, Y., Li, N., Chen, L., Li, Y., Xiong, Z., & Hu, Y. (2020). Estimating abundance of siberian roe deer using fecal-dna capture-mark-recapture in Northeast China. *Animals*, 10(7), 1–14. <https://doi.org/10.3390/ani10071135>
- Lindsay, A. R., & Belant, J. L. (2008). A simple and improved PCR-based technique for white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) sex identification. *Conservation Genetics*, 9(2), 443–447. <https://doi.org/10.1007/s10592-007-9326-y>
- Mandujano, S. (2004). ANÁLISIS BIBLIOGRÁFICO DE LOS ESTUDIOS DE VENADOS EN MÉXICO. *Acta Zoológica Mexicana*, 20(1), 211–251.
- Manuel Weber, & Medellín Rodrigo A. (2010). YUCATAN BROWN BROCKET DEER *Mazama pandora* (Merriam 1901). *December 2010*, 393.

Márcio Leite de Oliveira. (2010). *Análise molecular de amostras fecais de uma população de veado- mateiro (Mazama americana) para a obtenção de informações genéticas e ecológicas.*

Nelson, S., Taylor, S., Mckinley, A., Reuter, J., Drive, D., & Nelsonfwsgov, S. (2020). *An isolated white-tailed deer (Odocoileus virginianus) population shows unexpected heterozygosity on St . John , US Virgin Islands. 0354, 1–10.*

Rosa, G. da. (2014). *Caracterización de un set de microsatélites para la especie Mazama gouazoubira (Mammalia: Cervidae; Fischer, 1814).*

Rousset, F. (2008). Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Mol. Ecol. Resources*, 8, 103–106. <https://genepop.curtin.edu.au/>

Sheffield, S. R., Morgan, R. P., Feldhamer, G. A., Dan, M., Journal, S., & May, N. (1985). Genetic Variation in White-Tailed Deer (*Odocoileus virginianus*) Populations in Western Maryland. *American Society of Mammalogists*, Vol. 66, N, 243–255.

Sinnock, P. (1975). The Wahlund Effect for the Two-Locus Model. *The American Naturalist*, 109(969), 565–570. <https://doi.org/10.1086/283027>

Spielman, D. (2019). Genetic Management of Fragmented Animal and Plant Populations. En *Australian Zoologist*. <https://doi.org/10.7882/az.2019.004>

Suárez P., D., Arrieta V., L., & Gaona B., L. (2017). Variabilidad genética de *Odocoileus virginianus* (Zimmerman, 1970) en Boyacá-Colombia: reporte de caso. *Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*, 20(2), 485–489. <https://doi.org/10.31910/rudca.v20.n2.2017.403>

Verma, S. K., Prasad, K., Nagesh, N., Sultana, M., & Singh, L. (2003). Was elusive carnivore a panther? DNA typing of faeces reveals the mystery. *Forensic Science International*, 137(1), 16–20. [https://doi.org/10.1016/S0379-0738\(03\)00277-9](https://doi.org/10.1016/S0379-0738(03)00277-9)

Villanova, V. (2015). Genetic Structure and Demographic Analysis of Key deer (*Odocoileus virginianus clavium*). *Electronic Theses and Dissertations*, 2015, 2004–2019. <https://stars.library.ucf.edu/etd/1435>

Villanova, V. L., Hughes, P. T., & Hoffman, E. A. (2017). Combining genetic structure and demographic analyses to estimate persistence in endangered Key deer (*Odocoileus virginianus clavium*). *Conservation Genetics*, 18(5), 1061–1076. <https://doi.org/10.1007/s10592-017-0958-2>