



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA SUR

ÁREA DEL CONOCIMIENTO DE CIENCIAS DEL MAR

DEPARTAMENTO DE BIOLOGÍA MARINA

TESIS

**“ANÁLISIS GENÉTICO POBLACIONAL PARA LA REFORESTACIÓN DEL MANGLE
ROJO (*Rhizophora mangle* L.) EN BAHÍA MAGDALENA, B.C.S. MÉXICO”**

COMO REQUISITO PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

LICENCIADO EN BIOLOGÍA MARINA

PRESENTA:

ILSE ESTELA REYES MEDINA

DIRECTORA:

DRA. RAQUEL MUÑIZ SALAZAR

La Paz, Baja California Sur, México. JUNIO 2012.

DEDICATORIA

En memoria de Carlos Francisco Medina-Mayorga Echeverría por ser inspiración.

A mi Mami, Poncho y hermanas.

A Gabriela Medina Sandoval por ser razón, motor y apoyo incondicional de esta meta. Alfonso Chillon Lewis por su apoyo incondicional y motivación siempre oportuna.

A mis hermanas por siempre estar a mi lado a pesar de la distancia.

A mi mejor equipo y compañero de vida; Mauricio Rodríguez Álvarez.

AGRADECIMIENTOS

A mis padres por hacerme el sueño realidad con su esfuerzo y dedicación.

Al comité revisor; Dra. Raquel Muñiz Salazar, Dr. Rafael Riosmena Rodríguez, Dr. Juan Manuel López Vivas y Dr. Gustavo Hinojosa Arango por su apoyo en la realización de este trabajo y sus consejos.

Al Laboratorio de Botánica Marina de la UABCS, por permitirme la estancia durante este trabajo. Y al laboratorio de Epidemiología y Ecología Molecular de la Escuela de Ciencias de la Salud, UABC, Valle Dorado por abrirme las puertas para realizar el análisis genético de las muestras, a todos los integrantes por sus consejos y hacer mi estancia más amena tanto en el laboratorio como en Ensenada. A la Familia González-Castro por su compañía y apoyo durante la estancia en Ensenada.

Al proyecto de investigación “Caracterización genética de los bosques de mangle en el Pacífico Mexicano: Implicaciones en su conservación y manejo” (*no. Proyecto 107696*) por la beca de financiamiento para realizar este estudio.

Al proyecto de investigación “Estrategias en la restauración de mangles y sus servicios ambientales en Puerto San Carlos, B.C.S., México” (*no. Proyecto H003*) de CONABIO por proporcionarme los datos para el análisis poblacional.

RESUMEN

Los manglares constituyen uno de los ecosistemas más productivos a nivel mundial debido al aporte de nutrientes a la zona costera, a su localización como zona de crianza, reproducción de moluscos, peces y crustáceos. Las actividades antropogénicas forman parte de las principales amenazas para éste ecosistema por lo cual se han desarrollado políticas de conservación y manejo. En particular la NOM-022-SEMARNAT-2003 establece como medida de mitigación la restauración del ecosistema. Sin embargo, hasta la fecha no se ha logrado integrar una estrategia en particular para la reforestación que incorpore el conocimiento de las variantes génicas para buscar el mayor éxito en el programa. El uso de marcadores moleculares permite evaluar la diversidad y la estructura genética de las poblaciones. En este estudio se evaluaron ocho sitios de manglar de *R. mangle*, siete de ellos con crecimiento natural y un sitio de organismos en vivero para restauración por la SFS de Bahía Magdalena. Se determinó la diversidad genética inter e intra poblacional de los sitios estudiados utilizando seis *loci* de microsatélites como marcadores moleculares. Así también, se determinó la sobrevivencia y el crecimiento de los individuos plantados en el vivero. La distancia genética de los mangles del sitio RMRE presentó diferencias significativas con respecto a cuatro sitios, de igual manera los sitios RMBM y RMLM presentaron diferencias de tres sitios más y el índice de diversidad genética presentó diferencias significativas solo para RMRE ($P < 0.008$). Los resultados poblacionales de este estudio muestran una tasa de crecimiento combinada de 0.21 cm/día y una sobrevivencia de organismos plantados de un 82%. Se recomienda oficializar en la Norma Oficial Mexicana el análisis de la estructura genética previo al desarrollo de la restauración sin omitir el crecimiento en vivero, así como una metodología establecida con las características necesarias (según especie) y la valoración del lugar donde se reforestará.

Palabras clave: Manglar, *Rhizophora mangle*, Bahía Magdalena, restauración, reforestación, microsatélites, estructura genética.

ÍNDICE

DEDICATORIA.....	i
AGRADECIMIENTOS.....	ii
RESUMEN.....	iii
ÍNDICE.....	iv
LISTA DE FIGURAS.....	vi
LISTA DE TABLAS.....	vii
INTRODUCCIÓN.....	1
ANTECEDENTES.....	4
JUSTIFICACIÓN.....	14
OBJETIVOS.....	15
ÁREA DE ESTUDIO.....	16
Hidrografía del área de estudio.....	18
METODOLOGÍA.....	19
Recolecta y plantación de propágulos.....	19
Datos poblacionales.....	19
<i>Sobrevivencia y mortalidad.....</i>	<i>19</i>
<i>Tasa de crecimiento.....</i>	<i>20</i>
Análisis genético.....	20
<i>Recolecta de material foliar para análisis genético.....</i>	<i>20</i>
<i>Extracción de ADN.....</i>	<i>23</i>
<i>Cuantificación del ADN.....</i>	<i>24</i>
<i>Análisis de genotipos.....</i>	<i>24</i>

Análisis de datos.....	28
<i>Diversidad genética</i>	28
<i>Asignación poblacional</i>	28
<i>Estructura genética</i>	29
RESULTADOS	30
Análisis poblacional.....	30
<i>Sobrevivencia y mortalidad</i>	30
<i>Tasa de crecimiento</i>	30
Análisis genético.....	32
<i>Diversidad genética</i>	32
<i>Asignación poblacional</i>	34
<i>Estructura genética</i>	34
DISCUSIÓN	37
Diversidad genética.....	37
Estructura genética.....	38
CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	47
LITERATURA CITADA	49

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas localizado en la costa sur-occidental en la península de Baja California Sur, México.....**17**
- Figura 2.** Mapa de ubicación de los sitios de colecta en Zona de Canales y Bahía Magdalena.....**22**
- Figura 3.** Tasa combinada de crecimiento de los propágulos de *R. mangle* en el vivero de SFS.....**31**
- Figura 4.** Resultado del análisis de agrupamiento bayesiano en *R. mangle* para Bahía Magdalena y Zona de Canales (K=2).....**36**
- Figura 5.** Patrón de corrientes de marea: entrada y salida en el complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas.....**40**

LISTA DE TABLAS

Tabla I. Principales amenazas al ecosistema de manglar a nivel mundial.....	5
Tabla II. Localidad, clave y coordenadas geográficas de los sitios de colecta de <i>R. mangle</i> en la Zona de Canales y Bahía Magdalena.....	21
Tabla III. Temperatura de alineación y tamaño de los <i>loci</i> de microsatélites de <i>R. mangle</i>	26
Tabla IV. Parámetros genéticos de los sitios muestreados de <i>R. mangle</i> en Zona de Canales y Bahía Magdalena.....	33
Tabla V. Comparación pareada de la diferencia en la frecuencia alélica (F_{ST}) entre los ocho sitios de <i>R. mangle</i>	35

INTRODUCCIÓN

El ecosistema de manglar se desarrolla en las planicies costeras tropicales y subtropicales cerca de las desembocaduras de ríos y arroyos, rodeando esteros y lagunas costeras (Golley 1962). El manglar se encuentra en la transición entre el ecosistema terrestre y el marino, ubicado en zonas anóxicas con luz y aporte hídrico, por tanto son productores de nutrientes. Constituyen uno de los ecosistemas importantes por su productividad neta en peso seco: En el Pacífico Mexicano en promedio se generan 1044 g·m²/año y en el Golfo de México 1031 g·m²/año (López-Portillo y Ezcurra 2002).

El manglar representa importantes bienes y servicios como: las pesquerías ribereñas y de altamar, turismo, refugio de producción de especies en peligro de extinción y la belleza escénica (Foroughbakhch *et al.* 2004). Sin embargo, éste ecosistema se encuentra amenazado ya que su cobertura ha disminuido considerablemente. Las principales actividades que afectan directamente al manglar son las antropogénicas; en la región del Golfo de California se consideran alrededor de 280,000 ha. de granjas acuícolas planeadas irregularmente en la zona costera (SEMARNAP 1999). Éstas contribuyen a la modificación del paisaje y afectan en conjunto a la dinámica y patrones hidrológicos de los sistemas estuarinos, impactando la integridad del medio ambiente costero, incluyendo a los manglares (Phillips 1998; Agráz-Hernández 1999; Ruíz y Hernández 1999). La destrucción de los manglares disminuye la diversidad genética afectando al conjunto de individuos que dependen de ellos (CONABIO 2008).

La diversidad genética es una característica que permite a las especies responder y adaptarse a los cambios del ambiente, en consecuencia la pérdida de diversidad se asocia con especies susceptibles a enfermedades y a los cambios ambientales. Por ello es importante evaluar, la diversidad genética de la población original de manglar y producir plantas en vivero con alta similitud genética al de la población en la que serán plantadas (Maguirre *et al.* 2002; Tovilla-Hernández y Orihuela-Belmonte 2002). En las últimas décadas se ha incrementado el uso de marcadores genéticos para estudios de diversidad y estructura genética en las poblaciones naturales y cultivadas. Los microsatélites son uno de los marcadores moleculares, que se han utilizado con mayor éxito en estudios de genética poblacional debido a su alto nivel de polimorfismo que permite una discriminación precisa entre individuos altamente emparentados (Becerra y Paredes 2002).

Bahía Magdalena es uno de los lugares más productivos de la Península de Baja California Sur en cuanto a pesquerías y turismo se refiere, la comunidad de manglar de ésta zona presenta tres especies de las cuatro a nivel nacional: *Rhizophora mangle*, *Avicennia germinans* y *Laguncularia racemosa*, las cuales se declaran en alto estado de conservación por albergar a especies protegidas como tortugas, mamíferos marinos y aves, siendo un lugar de gran importancia para estudios de rehabilitación ecológica (Acosta-Velázquez y Vázquez-Lule 2009).

Por medio de la reforestación se pueden llegar a recuperar sitios alterados, incluso algunas funciones del ecosistema aún cuando algunos

parámetros se han modificado como el suelo, las condiciones ambientales, flora y fauna (Elster 2000; Lewis y Streever 2000). Las razones para la reforestación de los ecosistemas de manglar son: 1) la conservación de los sistemas naturales y el paisaje, 2) la producción sustentable de los recursos naturales y 3) la protección de las costas (Well *et al.* 2006).

Este estudio integra la evaluación de la estructura genética del mangle rojo (*R. mangle*) utilizando *loci* microsatelitales y factores poblacionales como el crecimiento y la sobrevivencia, teniendo un enfoque más completo para las reforestaciones en Bahía Magdalena B.C.S., México. La NOM-022-SEMARNAT-2003 estipula que los humedales costeros reforestados y creados requieren un monitoreo de 3 a 5 años, con el fin de asegurar la madurez y desempeño óptimo del ecosistema. Aunque, para la mayoría de los proyectos resulta difícil cumplir este monitoreo en tanto tiempo pues los recursos a veces no son suficientes. Este estudio pretende establecer una metodología previa a la reforestación de *R. mangle* que integre la evaluación genética y una estancia de vivero.

ANTECEDENTES

Los manglares son comunidades florísticamente uniformes, una característica fisionómica es el tipo de adaptación que presentan los sistemas radiculares. Estas adaptaciones son raíces zancudas y pneumatóforos que tienen funciones de fijación en el terreno lodoso y de captación de oxígeno directamente del aire. Otra característica importante, es que son “vivíparos”, esto es, que los embriones de las semillas germinan y se desarrollan cuando el fruto está aún adherido al árbol, lo que le puede garantizar un rápido establecimiento, teniendo una mayor probabilidad de sobrevivencia (Agráz-Hernández *et al.* 2006).

La reforestación o restauración (rehabilitación) es el proceso de repoblar con especies arbóreas mediante la plantación, regeneración manejada o siembra, en cualquier tipo de terreno de un ecosistema que se ha degradado, dañado o destruido por factores naturales o antropogénicos (SER 2004; ACP 2006). Las actividades humanas son las principales amenazas en la alteración del ecosistema de manglar, de las cuales destacan las siguientes: agricultura, ganadería y acuicultura, asentamientos humanos y complejos turísticos. (Tabla I) (Benítez-Pardo *et al.* 2002).

Tabla I. Principales amenazas al ecosistema de manglar a nivel mundial (Benítez-Pardo *et al.* 2002).

Amenaza e impacto al ecosistema	Mitigación	Recuperación
Acuicultura, ganadería y agricultura; el uso de pesticidas.	Evitar al máximo la modificación del suelo y el uso de pesticidas, establecer periodos de recuperación.	Reforestación de las granjas inhabilitadas, replantación de la proporción de manglar deforestada en zonas aledañas y reforestación hidrológica.
Asentamientos humanos, complejos turísticos; desechos humanos, modificación del suelo y apertura de bocas hacia el mar, apresamiento de ríos, modificando el ecosistema.	Establecer medidas de usos sobre estas áreas, siendo más orgánicos los asentamientos reutilizando las aguas, sin dañar la naturaleza del suelo e hidrología del lugar a menos que sea extremadamente necesaria la modificación.	Replantación de las áreas deforestadas a las zonas aledañas, recuperar el cauce natural de la hidrología del lugar. Y en caso de ser necesario la reforestación.
Sobreexplotación del recurso; tala indeterminada, pesca exhaustiva.	Educación para las comunidades aledañas, establecer medidas y vedas.	Establecer campañas entre las comunidades aledañas para la reforestación y forestación de las zonas explotadas; restauración hidrológica.

En la década de los 60's se establecieron las primeras reforestaciones de manglar en Indonesia, Malasia, China y Bangladesh aunque fueron intermitentes hasta los 80's, las reforestaciones se llevaron a cabo para recuperar ecosistemas que habían sido destruidos por granjas camaronicultoras (Vannucci 2004). Recientemente ha proliferado esta actividad en México con un gran número de plantaciones para forestar y reforestar las diversas especies de manglar como en Sinaloa, Chiapas, Yucatán y Veracruz, por mencionar algunos, éstas reforestaciones se realizaron para recuperar zonas destruidas por huracanes y por la modificación en el flujo de agua hacia algunas lagunas (Benítez-Pardo *et al.* 2002; Reyes-Chargoy y Tovilla-Hernández 2002; Febles-Patrón *et al.* 2009).

Una de las razones para reforestar el manglar es la productividad de biomasa que genera este ecosistema: En bosques inalterados del género *Rhizophora* en el sudeste de Asia se han registrado valores de biomasa de hasta 700 Ton/ha, con un rango de 500 a 550 Ton/ha, lo que equivale a 250 a 275 Ton de CO₂/ha (Saenger y Snedaker 1993). En México de la especie *R. mangle* se han registrado valores desde 2.61 Ton·ha/año en Bacalar, Q. Roo; 12.52 Ton·ha/año en Laguna de Términos, Campeche; hasta 12.62 Ton·ha/año Laguna de la Mancha, Veracruz, así como en la Reserva de la Biosfera en Ría Celestún, Yucatán, presentando 6.68 g·m²·día (Rico-Gray y Lot 1983; Day *et al.* 1996; Navarrete y Oliva-Rivera 2002; Zaldívar-Jiménez *et al.* 2004).

Briones y colaboradores (2011), propusieron los criterios para seleccionar sitios de reforestación de manglar en la costa ecuatoriana, utilizando sistemas de análisis para determinar la disminución de éstos debido al establecimiento de granjas camaronicultoras. Lo más relevante es la mención del problema que presenta hacer trabajos con diferentes sistemas de análisis como imágenes satelitales y verificación de campo al trabajar en escala, lo cual genera limitaciones en su aplicabilidad, también la aportación de recomendaciones para incorporarlas a un instructivo que guíe y facilite la reforestación, así como el seguimiento por la autoridad competente.

Hay que recalcar que el éxito de los programas de conservación de las especies de mangle a través de técnicas de reforestación está en función de la atención que éstos pongan sobre la estructura genética dentro y entre las poblaciones de mangle y los métodos por los cuáles se recolecta y mantiene el germoplasma (Maguirre *et al.* 2002). Debido a la naturaleza del mangle rojo, el porcentaje de mortalidad de plántulas que muere al ser trasplantadas oscila entre el 50% y 60%, las cuales tienen que ser sustituidas por nuevas plántulas. En este sentido, se requiere de la producción de plántulas en vivero para repoblar en el momento que sea necesario, ésta condición hace que los procesos de reforestación se vuelvan lentos y laboriosos (Tovilla-Hernández y Orihuela-Belmonte 2002).

Aunque en los programas de reforestación del ecosistema de manglar es imprescindible evaluar la diversidad genética de la población original y producir plantas en vivero con una alta similitud genética al de la población en la que serán plantadas (Jian *et al.* 2004), además de tomar en cuenta la evaluación de diversos factores fisicoquímicos del suelo y el agua, también se debe de tomar en cuenta las características de la población sobreviviente y buscar mantener sus niveles de diversidad genética.

El primer estudio que analizó las características genéticas del mangle rojo en México fue realizado mediante el análisis de isoenzimas, presentando dificultades en el mantenimiento de la actividad enzimática, sin embargo, se detectaron grandes distancias dentro de las especies de *Avicennia* con bajos niveles de polimorfismo ($F_{ST}=0.06$) y elevado nivel de endogamia en las poblaciones del Pacífico, lo contrario para las poblaciones del Golfo de México y Mar Caribe (Núñez-Farfán *et al.* 2002).

En un estudio que se realizó en las costas del Pacífico y del Atlántico con el objetivo de identificar la dispersión de propágulos de mangle negro, se aplicaron por primera vez los microsátélites, revelando que existen abruptas discontinuidades en las frecuencias alélicas entre las poblaciones. Este trabajo indicó que alrededor de la costa de Australia, la dispersión de propágulos es limitada, recurriendo a pruebas genéticas para determinar su distribución. El análisis de parentesco resultó en un árbol que separa a la especie en tres clados.

El primero, incluye los mangles del Pacífico de Costa Rica y México; el segundo clado contiene los individuos del Pacífico de Panamá y Costa Rica; y el tercer clado agrupa a los individuos de toda la cuenca del Atlántico. La diversidad intrapoblacional fue relativamente baja, con sólo uno o dos haplotipos detectados para la mayoría de las poblaciones (Nettel y Dodd 2006).

Para el mangle rojo se aislaron y caracterizaron veintiséis *loci* microsatélitales para investigar el polimorfismo entre los individuos a partir de dos poblaciones naturales de la Costa Pacífica Colombiana. La heterocigocidad observada por locus varió desde 20% hasta 80%. Este conjunto de microsatélites ofrece una herramienta eficaz para estudios de genética poblacional sobre esta especie y concluyendo que los marcadores más prometedores para aplicar en los manglares son los microsatélites (Cerón-Souza *et al.* 2006; Triest 2007).

En México se realizó un estudio para determinar la estructura genética poblacional del mangle rojo, mediante marcadores moleculares (6 microsatélites) con un total de 19 alelos en 10 poblaciones, la riqueza alélica varió de 1.32 a 2.46 y la heterocigocidad observada promedio fue de $H_O=0.16$, detectando una disminución de la diversidad genética en las poblaciones más cercanas al límite norte de distribución; poblaciones como Bahía de los Ángeles, San Ignacio y Teacapán, que mostraron valores significativos de endogamia debido al déficit de heterocigotos. En general se presentó una alta estructura genética ($F_{ST}= 0.26$; $R_{ST}= 0.50$), muy relacionada con la distancia geográfica de las poblaciones del

centro y sur del Pacífico y del Golfo de California, lo que sugiere que el mangle rojo del noroeste de México está constituido por poblaciones discretas significativamente estructuradas, en grupos a mayor escala que muestran que los manglares tienen una distribución en parches (Nettel *et al.* 2008; Sandoval-Castro *et al.* 2012).

En las costas mexicanas se identificaron cinco grupos de mangle rojo de acuerdo a la estructura genética, de los cuales dos se ubicaron en la costa noroccidental presentando valores desde $F_{ST} = 0.04$ hasta $F_{ST} = 0.65$, los dos grupos de *R. mangle* se distribuyen de la siguiente manera: El Grupo 1 comprende desde Bahía de los Ángeles (B.C.) hasta Bahía Concepción (B.C.S.) y desde Bahía Kino hasta Guaymas (Sonora). El Grupo 2 comprende en la costa occidental de Baja California Sur desde San Ignacio hasta Bahía Magdalena, dentro del Golfo de California en Bahía de la Paz, la costa sur de Sonora y norte de Sinaloa (Sandoval-Castro 2012).

En México el número de poblaciones de manglar que han sido reforestadas ha ido en aumento, lo que sugiere que el trasplante de estos individuos es relativamente fácil. En la metodología establecida por Choudry (2012) se recomienda que el monitoreo de los individuos ya plantados sea por un periodo de 75 días y que de los factores principales a evaluarse, sea la etapa o fase del ciclo de vida que sea el más adecuado para llevar a cabo la plantación, así como la

realización de un invernadero preliminar para la germinación de las semillas o crecimiento de las primeras hojas del propágulo según sea el caso de la especie.

De los primeros trabajos registrados de rehabilitación de manglares en México, fue realizado por Reyes-Chargoy y Tovilla-Hernández (2002) para rehabilitar 2 ha. de manglar de dos lagunas en Tapachula, Chiapas. En Laguna de Cabildo durante el periodo de junio a agosto se realizó la siembra directa con propágulos y plantas de vivero de mangle rojo, posteriormente en septiembre del año 2000 en Laguna de Pozuelos. La sobrevivencia final de las dos lagunas fue de 70.24%, la máxima mortalidad (61.2%) se registró en Laguna de Cabildo durante los meses de febrero-abril por la sequía completa del lugar. Por el contrario, en Laguna de Pozuelos la inundación estable permitió una sobrevivencia inicial de más de 98.5%. De los 550 propágulos germinados en el vivero, después de 120 días se llevaron al campo donde se registró una mortalidad menor al 5%. Los resultados fueron analizados por un periodo de no más de 330 días. Además de la influencia de mareas, la exposición al sol y la sombra, son factores decisivos en la sobrevivencia del propágulo. En Tecoaapa, Guerrero se realizó un estudio de sobrevivencia de manglar registrando el 96% de éxito a los 17 días, a los 73 días se alcanzó un éxito de 16% a la sombra y 28.5% al sol, observando mejor desarrollo y altura en los individuos expuestos al sol (Tovilla-Hernández y Orihuela-Belmonte 2002).

De 1990 a 2005, se evaluó la cobertura, estructura forestal, distribución y variación temporal de los manglares, estimando 17,000 ha. que representan el 70% de la cobertura de manglar en Baja California Sur. El complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas comprende el 75% de la superficie del manglar, el cual está distribuido irregularmente en 160 km² a lo largo de la línea de costa (Whitmore *et al.* 2005). Se determinó el mangle rojo y mangle negro como las especies dominantes con densidades de 2339 y 5922 individuos/ha⁻¹ respectivamente y área basal de 10.6 a 58.5 m²/ha⁻¹. La tasa media de deforestación anual es de 0.55, aunque ha disminuido a 0.15, a pesar de esto, los manglares de Bahía Magdalena-Almejas están sometidos a bajo impacto por actividades antropogénicas, por lo que se ha registrado el aumento en la cobertura del mangle desde 23953 ha. a 31527 ha. para éste complejo lagunar (Acosta-Velázquez y Ruíz-Luna 2007; Hak *et al.* 2008).

Entre la década de los 80's a 90's por varios fenómenos del Niño así como desarrollos humanos en algunas zonas de Bahía Magdalena (BM en adelante), han contribuido al aporte directo de agua dulce o estancamientos de ésta, detectando un cambio en la delimitación del manglar así como su crecimiento (López-Medellin *et al.* 2011). Trayendo consecuencias a la pesca ribereña que es el principal recurso económico tanto en BM como en Isla Magdalena en el Puerto de San Carlos (Whitmore *et al.* 2005).

La NOM-022-SEMARNAT-2003 establece las condiciones que deben seguirse al crear impacto en humedales y zonas costeras, entre los requisitos se encuentran: Trasplantar árboles de manglar de la zona donde se vaya a crear impacto y el monitoreo obligatorio, el cuál señala que los humedales costeros restaurados y creados, requerirán de 3 a 5 años de monitoreo con el fin de asegurar la madurez y pleno desarrollo de los individuos (NOM 2012).

JUSTIFICACIÓN

Debido a estudios anteriores se ha concluido que la mayoría de los trabajos de reforestación son exitosos. La aplicación genética es una herramienta que brinda facilidad para determinar características claves como la heterocigocidad, diversidad y estructura genética dentro y entre las poblaciones.

Como ya se mencionó, la NOM-022-SEMARNAT-2003, establece el periodo de monitoreo de humedales y zonas costeras; sin embargo, no se establece ninguna metodología de la técnica de reforestación de mangle. Con base en lo anterior, este trabajo pretende contribuir a establecer una metodología previa a la reforestación de *R. mangle* que integre la evaluación genética-poblacional y la estancia en vivero que asegure las condiciones necesarias para un mejor desarrollo de los individuos.

OBJETIVO GENERAL

Determinar el éxito de individuos del mangle rojo *Rhizophora mangle* L en vivero para la reforestación en Bahía Magdalena B.C.S., mediante el análisis molecular y poblacional.

OBJETIVOS PARTICULARES

1. Determinar la diversidad genética entre los individuos de *R. mangle* que fueron plantados en el vivero y los de las poblaciones silvestres de la Bahía.
2. Determinar el porcentaje de sobrevivencia de los individuos plantados de *R. mangle* en el vivero.
3. Determinar el crecimiento de los individuos de *R. mangle* sobrevivientes en el vivero.
4. Relacionar el análisis genético y los datos poblacionales de los individuos en vivero y los silvestres.

ÁREA DE ESTUDIO

En el noroeste de México, en la península de Baja California Sur se encuentra el complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas (24° 15' N; 111° 14' O). Presenta tres zonas geomorfológicas: Zona de Canales (ZC en adelante) ubicada al noroeste; BM situada en la parte central del complejo; y Bahía Almejas, situada en el suroeste (Hernández-Rivas *et al.* 1993). Los individuos recolectados para este estudio fueron de la ZC y BM. La ZC presenta numerosos esteros y canales someros bordeados por bosques de mangle en la costa Este y por el lado Oeste dunas elevadas de arena, en Isla Magdalena. En la porción sureña de ZC, el canal principal presenta condiciones favorables para la navegación que comunica con BM, ésta bahía está rodeada por dos islas, Isla Magdalena que mide 90 km aproximadamente de largo y tiene forma de escuadra e Isla Margarita con aproximadamente 33.8 km de largo y 7.2 de ancho (Funes-Rodríguez *et al.* 2007) (Fig. 1).

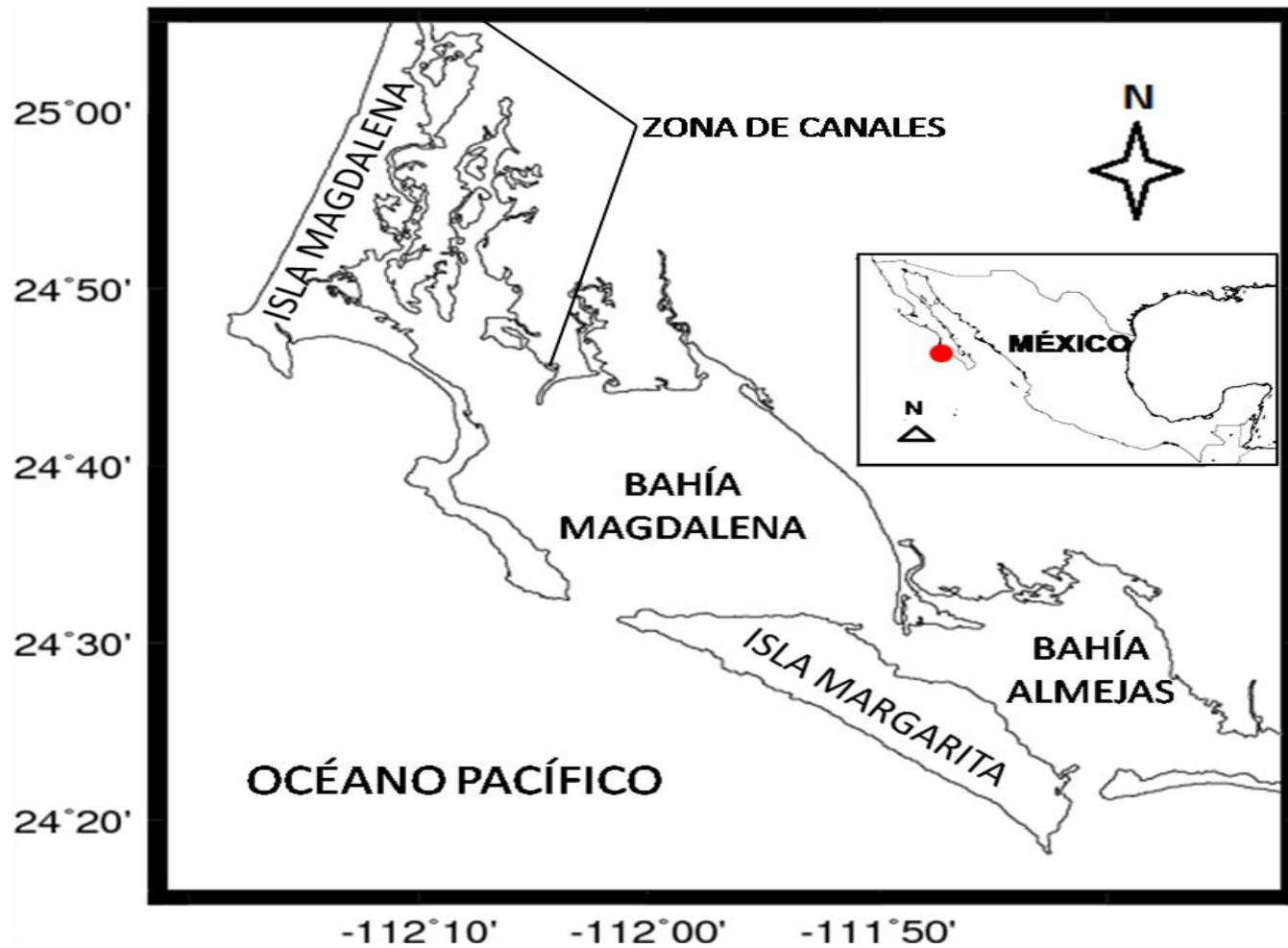


Figura 1. Complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas localizado en la costa sur-occidental en la península de Baja California Sur, México.

HIDROGRAFÍA DEL ÁREA DE ESTUDIO

La ZC presenta profundidades máximas de 10 m con una temperatura promedio de 25.8 °C y una salinidad de 35.4 ppm, en la zona de BM y las zonas de comunicación con el exterior se presenta una profundidad de 40 a 27 m con un rango de temperatura de 18 °C a 16 °C y una salinidad de 34 ppm. Existe una secuencia de cambios ambientales asociados con la región costera adyacente que le transmite influencia de corrientes costeras superficiales y a la zona de surgencia costera desde el exterior de la bahía (Zaytsev *et al.* 2007). Las bocas de los canales intercambian nutrientes provenientes de los manglares y de la zona adyacente de la bahía por medio de eventos de surgencia costera (Rosales-Villa 2004). La plataforma occidental de BM está influenciada por corrientes y procesos de mezcla originados por la marea, circulación oceánica y corrientes de gradiente horizontal que forman un complejo patrón de flujo (Zaytsev *et al.* 2007). El área oceánica adyacente al sistema lagunar es una zona típica de surgencia, donde los nutrientes son introducidos al sistema por medio de una combinación entre el transporte vertical de surgencia y el transporte horizontal producido por intensas corrientes de marea (Rosales-Villa 2004). El tipo de mareas del complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas es mixto semi-diurno donde se observa regularmente a dos pleamares y dos bajamares (24.8 h). El efecto de la marea en el intercambio del agua entre la región oceánica y el interior de BM es físicamente posible debido a las corrientes generadas durante el flujo y reflujos, a través de su boca de acceso (Obeso-Nieblas *et al.* 1999).

METODOLOGÍA

RECOLECTA Y PLANTACIÓN DE PROPÁGULOS

Se recolectaron 200 propágulos de manera azarosa en la ZC y BM los cuales fueron plantados en el vivero de la institución educativa “The School for Field Studies” (SFS en adelante). Para incrementar las probabilidades de éxito, los propágulos fueron mantenidos en una cubeta con agua dulce por una semana hasta que presentaron desarrollo de los rizomas. Se plantaron en el suelo del patio de SFS manteniendo una distancia de 30 cm entre un propágulo y otro aproximadamente, la tierra donde se encontraban fue del patio de SFS desconociendo tratamiento previo alguno. Las plantas del vivero fueron regadas utilizando agua tratada de las instalaciones de SFS bajo condiciones de riego desconocidas.

DATOS POBLACIONALES

Sobrevivencia y mortalidad

En el análisis se utilizaron los 200 individuos vivos que fueron plantados en el vivero, registrando la fecha inicial el 30 de Mayo del 2010 y la fecha final del registro el 3 de Agosto del 2010. Al finalizar el registro se contaron los individuos que sobrevivieron y se calculó el porcentaje de sobrevivencia y mortalidad.

Tasa de Crecimiento

De los individuos sobrevivientes se midió con un calibrador Vernier, el crecimiento apical (cm) en cuatro ocasiones durante un periodo de 36 días, en cada ocasión se sacó el promedio de crecimiento y finalmente se obtuvo la tasa combinada de crecimiento promedio (cm/día) mediante la siguiente fórmula (Baggaley e Hinojosa 2011):

Tasa de crecimiento combinada:

$$\frac{\sum \text{ de los promedios de las cuatro sesiones de medición}}{\text{el total de organismos finales vivos}}$$

ANÁLISIS GENÉTICO

Recolecta de material foliar para análisis genético

Se seleccionaron los sitios con presencia de manglar, registrando sus coordenadas geográficas (Tabla II), se hicieron recolectas de material foliar de cinco individuos de *R. mangle* en cada una de las siete sitios establecidos (PAEP, PAEC, PETN, PSTM, PSBO, RMBM Y RMLM) así como de todos los individuos sobrevivientes que se encontraban en el vivero (RMRE) (Fig. 2), posteriormente se almacenaron en bolsas plastificadas, previamente etiquetadas, para su almacenamiento en congelación a -70°C.

Tabla II. Localidad, clave y coordenadas geográficas de los sitios de colecta de *R. mangle* en ZC y BM.

Localidad	Clave	Latitud	Longitud
Canal El Pedregoso	PAEP	24°54'02.4" N	112°06'08.2" W
Canal El Cuervo	PAEC	24°55'21.3" N	112°09'29.6" W
Estero El Puente	PETN	24°48'04.6" N	112°05'42.5" W
Estero Santa María	PSTM	24°39'23.4" N	112°08'35.3" W
Estero San Buto	PSBO	24°47'17.9" N	112°02'42.3" W
Estero El Curl	RMBM	24°44'49.1" N	111°59'50.5" W
Estero El Chisquete	RMLM	24°47'15.1" N	111°58'35" W
Vivero SFS	RMRE	24°46'50.10" N	112°05'34.27" W

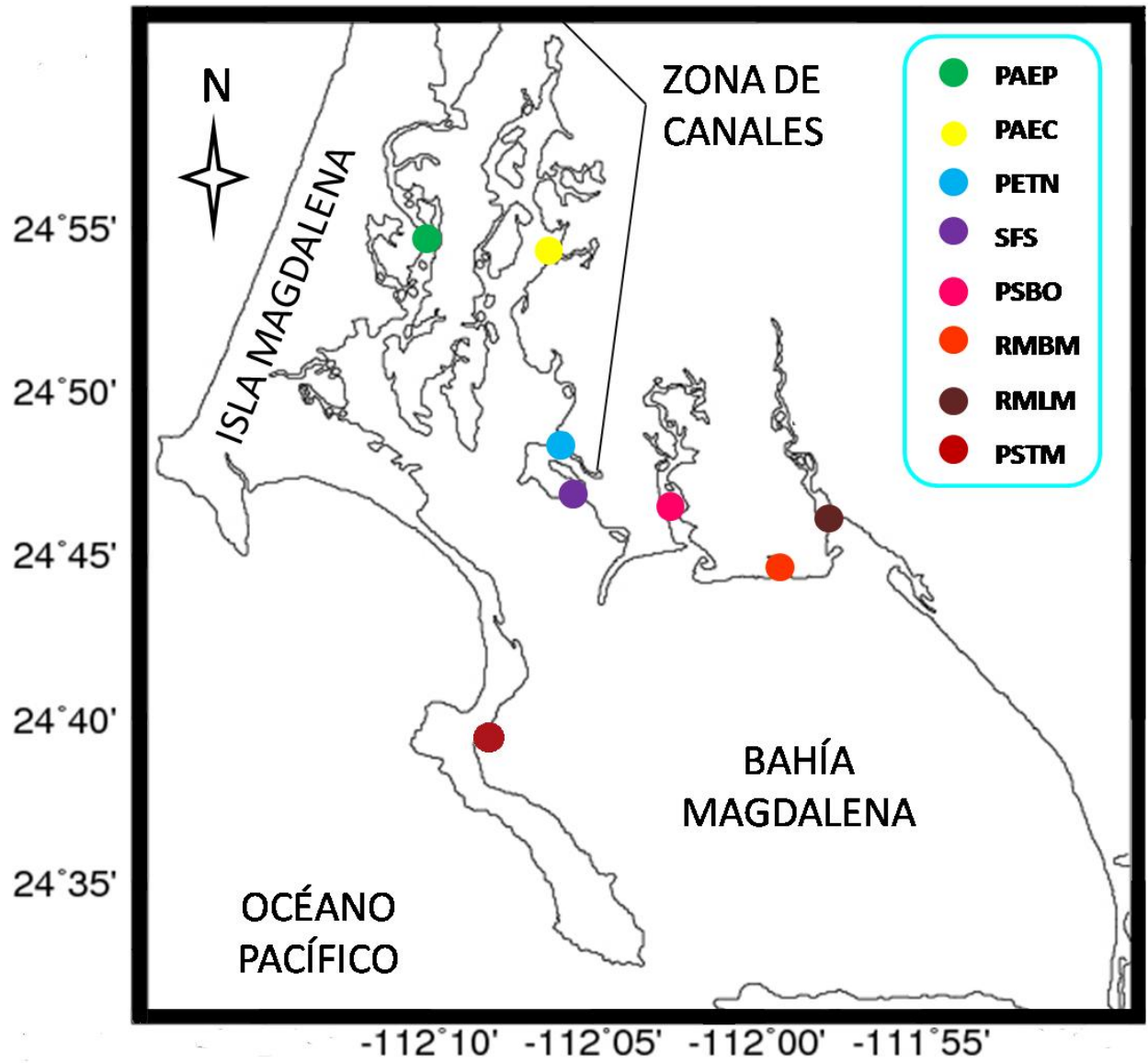


Figura 2. Mapa de ubicación de los sitios de colecta en Zona de Canales y Bahía Magdalena.

Extracción de ADN

La extracción de ADN se realizó a partir del tejido foliar tomando aproximadamente 1 cm² de cada muestra, depositándolo en tubos de microcentrifuga de 1.5 mL. El tejido fue homogeneizado con hielo seco, hasta su sublimación. Posteriormente se agregaron 1000 µL de CTAB/PVP, 3 µL de β-mercaptoetanol y 2.5 µL de RNAsa. Se agitó en vórtex por 10 minutos y se incubó por un periodo de 6 horas a 65°C en agitación. Posteriormente se centrifugaron por 15 minutos a 13000 rpm; el sobrenadante se transfirió a un tubo nuevo de 1.5 mL, adicionando 650 µL de Cloroformo–alcohol isoamilico (24:1) a cada muestra. Se agitó en un vórtex por 10 minutos a 5000 rpm y centrifugaron 15 minutos a 13000 rpm, transfiriendo el sobrenadante de cada tubo a otro nuevo (aproximadamente 550 y 600 µL). Se repitió el proceso tres veces más desde la adición del Cloroformo-alcohol isoamilico hasta que se obtuvo un volumen de 400 o 450 µL. Finalmente se agregó el 70% de isopropanol y 16 µL de 7.5 M acetato de amonio y se mezclaron los tubos manualmente. Se dejaron reposar en congelación por un día para que se precipite en ADN.

Una vez que se obtuvo el ADN, se centrifugaron por 20 minutos a 13000 rpm. Se decanto el sobrenadante en un vaso de precipitado la mayor cantidad de liquido tratando de no perder el “pellet” formado en el fondo del tubo, después se le adicionó 500 µL de etanol al 70%. Para despegar el “pellet” se mezcló en el vórtex a mínima velocidad por 10 minutos máximo y centrifugando por 20 minutos

a 13000 rpm. Se repitieron dos veces y posteriormente se secaron en una centrifuga de vacío.

El ADN fue hidratado con 100 μ L de TE X1, agitando manualmente y centrifugando las muestras por un minuto a 13000 rpm. Se dejaron reposar a temperatura ambiente por una hora y en refrigeración durante toda una noche antes de realizar la electroforesis para permitir la disolución completa del ADN.

Cuantificación del ADN

La cantidad y la calidad del ADN se evaluaron mediante electroforesis en geles de agarosa al 2% con 5 μ L de la extracción. Con una lámpara de luz ultravioleta, se compararon las bandas de las muestras con respecto a la intensidad de la banda de un marcador molecular comercial con concentración de 250 pares de bases. La calidad del ADN se determinó por la nitidez de la banda, una banda bien definida representa ADN de buena calidad, las bandas barridas indican ADN degradado o un exceso del mismo. Con base en lo anterior se realizó la dilución en agua esterilizada del ADN, con el fin de obtener una concentración representativa para la posterior amplificación.

Análisis de genotipos

Se amplificaron seis microsatélites específicos para *R. mangle* diseñados por Rosero Galindo *et al.* (2002), se llevó a cabo mediante una reacción en cadena de la polimerasa (PCR), que consistió en 13.40 µL de agua nanopura, 2 µL de Buffer (10x), 0.40 µL de dNTP's (10mM), 2 µL de MgCl₂ (25mM), 0.40 µL del cebador Forward, 0.60 µL de cebador Reverse, 0.20 µL de Taq Polimerasa y 1 µL de ADN, obteniendo un volumen final de 20 µL por reacción. Las condiciones de amplificación fueron de un periodo de desnaturalización inicial de 5 min a 95°C seguido de 35 ciclos de 30 s a 95°C, 30 s a la temperatura óptima de cada microsatélite (Tabla III) y 45 s a 72°C. Los 35 ciclos terminaron en una extensión final de 20 min a 72°C.

Tabla III. Temperatura de alineación y tamaño de los *loci* de microsatélites de *R. mangle*.

Microsatélite	Temperatura de hibridación	Tamaño del amplicon (pares de bases)
Rm7	50°C	190
Rm11	50°C	180
Rm19	50°C	150
Rm21	50°C	200
Rm38	50°C	135
Rm46	50°C	195

La evaluación de la concentración de los productos de amplificación (amplicon) se realizó en una electroforesis de agarosa al 2% con 10 μ L de producto de PCR. La electroforesis se corrió durante 30 minutos a 90 V y 400 mA. Los geles fueron teñidos con 1.2 μ L de Gel-Star® en 2 mL de agua destilada y visualizados con luz UV, por último, se evaluó el tamaño de los fragmentos amplificados comparándolos con la amplificación de un marcador molecular comercial con concentración de 250 pares de bases.

Las muestras fueron enviadas a los laboratorios SecXcel Inc. en San Diego, California, E.U.A. donde los productos de PCR fueron separados mediante electroforesis capilar por un secuenciador automático de ADN Applied Biosystems 310 Genetic Analyzer. La lectura de los alelos se realizó con el programa GeneMarker 1.85 (Softgenetics), donde la presencia de un pico se refiere a un organismo homocigoto y dos picos un organismo heterocigoto, también se pueden observar el tamaño de los alelos en cada locus por organismo. Se generó una base de datos en Microsoft®Excel, con el nombre de la muestra y su genotipo. Microsatellite toolkit (Park 2001), sirvió como herramienta para calcular las frecuencias alélicas, diversidad estadística, matriz de distancia alélica y generar los archivos de entrada para los siguientes programas GENEPOP on The Web (Raymond y Rousset 1995; Rousset 2008), FSTAT 2.9.3 (Goudet 2001) y Arlequín 3.1 (Excoffier *et al.* 1992).

ANÁLISIS DE DATOS

Diversidad genética

La riqueza alélica por locus y por población fue calculada usando el FSTAT 2.9.3 (Goudet 2001). La estimación del equilibrio de Hardy–Weinberg (H-W) de los *loci* en cada población y la heterocigocidad se realizó con el programa GENEPOP on The Web (Raymond y Rousset 1995; Rousset 2008). La significancia para todas las pruebas múltiples se fijó en $P=0.05$, con la corrección de Bonferroni (Rice 1989).

Asignación poblacional

Se determinó la estructura poblacional de los individuos de *R. mangle* en el vivero de SFS como en las sitios designados dentro de BM y ZC, asignándolos a los sitios definidos previamente en el área de estudio, utilizando el método de agrupación Bayesiano con el programa STRUCTURE 2.3.3 (Pritchard *et al.* 2000). El análisis exploratorio se uso para inferir la estructura genética poblacional y asignar los individuos probabilísticamente dentro de K grupos de acuerdo a sus similitudes en frecuencia y numero de alelos.

Las simulaciones se hicieron con base en 5×10^5 interacciones después de un calentamiento inicial de igual longitud, suponiendo frecuencias alélicas correlacionadas y bajo el modelo de poblaciones mezcladas (admixture model). Con el objetivo de asegurar la convergencia en las cadenas de Markov y la

reproducibilidad del análisis, se corrieron 10 replicas para cada grupo K. El numero más probable de K grupos fue aquel que tuvo el más alto valor de $\Pr(X|K)$ (Pritchard *et al.* 2000). Posteriormente, el número de grupos fue ajustado de acuerdo al algoritmo ΔK descrito por Evanno *et al.* (2005).

Estructura genética

La distribución en la variación genética de los grupos obtenidos en el análisis del programa STRUCTURE fue estimado mediante un análisis de varianza molecular, AMOVA (Excoffier *et al.* 1992) bajo el modelo de alelos infinitos empleando el programa Arlequin 3.5 (Excoffier y Lischer 2010). La variación genética fue cuantificada utilizando cuatro niveles jerárquicos: 1) entre grupos, 2) entre poblaciones dentro de grupos, 3) entre individuos dentro de poblaciones y 4) entre individuos. La significancia estadística fue evaluada a través de 10,000 permutaciones no paramétricas con base en los estadísticos F de Wright: F_{ST} (Wright 1965). Se calculo el coeficiente de diferenciación genética F_{ST} , donde sólo se considera la frecuencia de los alelos detectados. El valor de significancia para todas las pruebas múltiples se fijó en 0.05, con la corrección de Bonferroni (Rice 1989).

RESULTADOS

ANÁLISIS POBLACIONAL

Porcentaje de sobrevivencia y mortalidad

De los 200 individuos sembrados en el vivero de SFS se presentó una sobrevivencia de 82% debido a la manutención de los propágulos en la cubeta de agua dulce por una semana, lo que indica una mínima mortalidad (18%), a pesar de que no se tuvieron regulaciones en el tratamiento de tierra donde fueron plantados ni del agua con la que fueron regados éstos individuos.

Tasa de crecimiento

El promedio total de crecimiento fue 0.21 cm/día. Del inicio del registro a la segunda medición se mostró un aumento de 0.22 cm en promedio (9 de Marzo 1.86 cm; 18 de Marzo 2.08 cm), pero generalmente se presentó un decremento después de la segunda medición (4 Abril 1.98 cm; 14 de Abril 1.78 cm) hasta el final del registro de las mediciones (Fig. 3).

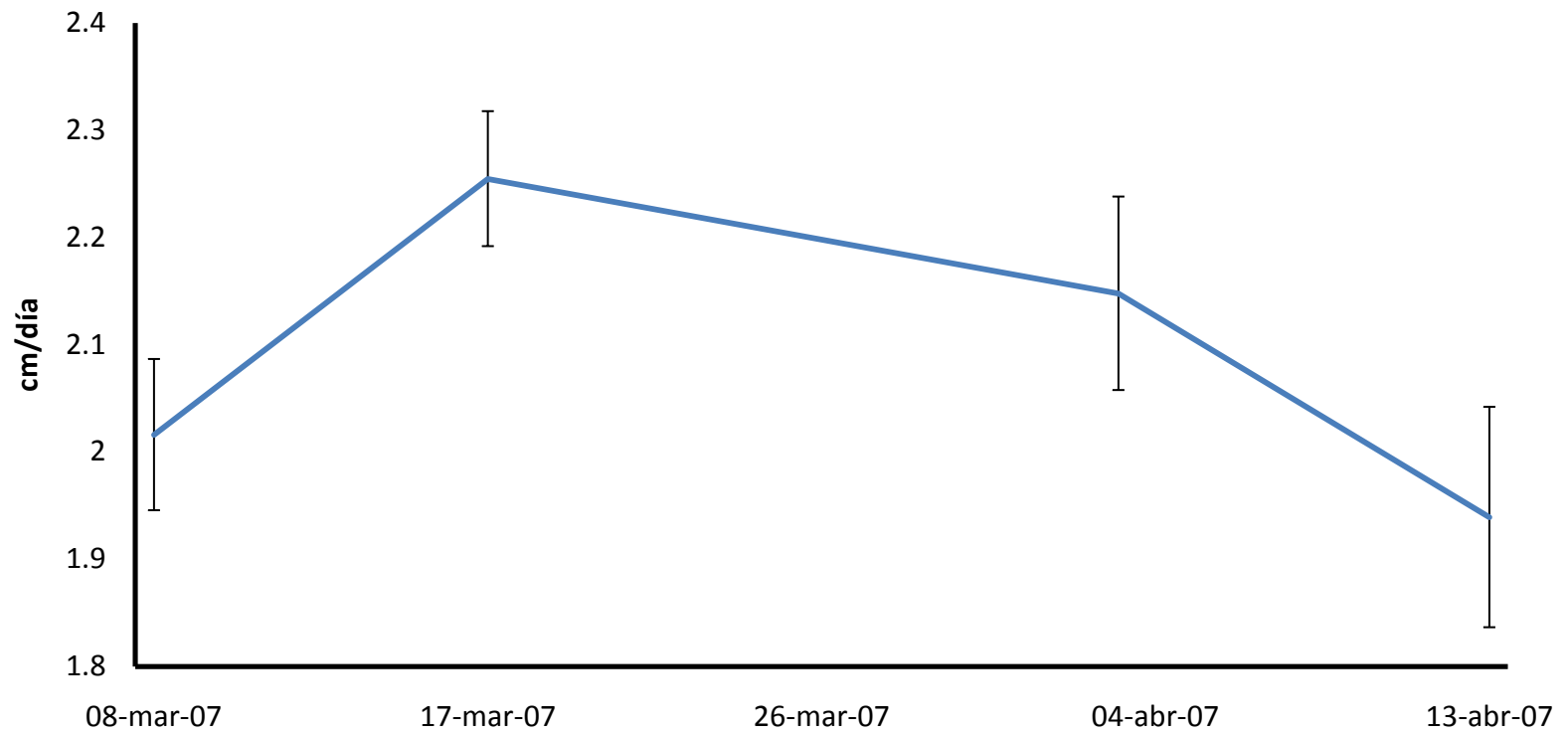


Figura 3. Tasa combinada de crecimiento de los propágulos de *R. mangle* en el vivero de SFS.

ANÁLISIS GENÉTICO

Diversidad Genética

Los resultados obtenidos de *R. mangle* en los sitios analizados el número de alelos por locus varió de 2 a 4 para los locus Rm11-Rm38 y Rm46, respectivamente, y la variación de alelos por locus por población osciló de 1.33 (RMLM) a 2.83 (RMRE). La riqueza alélica promedio fue de 1.68, presentando como valor mínimo 1.33 en RMLM y máximo de 1.93 en PAEC. La frecuencia de individuos heterocigotos observada para cada locus varió desde cero para el locus Rm7 a 0.529 en el locus Rm11 y la heterocigocidad observada (HO) para cada sitio varió de 0.18 para el sitio RMLM a 0.43 para el sitio PAEC, mientras que la heterocigocidad esperada (HE) presentó una diferencia en el valor máximo (0.36) siendo para el sitio RMRE y el mínimo (0.16) para RMLM (Tabla IV). Todas las poblaciones estuvieron en equilibrio H-W ($P > 0.008$), con excepción de la población RMRE, la cual se debe a una deficiencia significativa de heterocigotos ($P < 0.05$).

Tabla IV. Parámetros genéticas de los sitios muestreados de *R. mangle* en BM.

POBLACIÓN	N	A	RA	HE	HO	EHW
PAEC	5	2.00	1.93	0.35	0.43	n.s
PAEP	5	1.67	1.60	0.23	0.30	n.s
PSTM	5	2.00	1.90	0.32	0.27	n.s
PSBO	5	1.50	1.50	0.24	0.37	n.s
PETN	4	1.83	1.83	0.32	0.33	n.s
RMRE	33	2.83	1.92	0.36	0.34	*
RMBM	20	1.67	1.43	0.19	0.19	n.s
RMLM	10	1.33	1.33	0.16	0.18	n.s
PROMEDIO	10.8	14.8	1.68	0.27	0.30	

N=Número de individuos, A=Número de alelos, RA=Riqueza alélica, HE=Heterocigosidad esperada, HO=Heterocigosidad observada e EHW=Índices de diversidad genética poblacional y desviaciones al modelo de equilibrio Hardy-Weinbergh; *=coeficiente de endogamia estadísticamente significativo.

Asignación Poblacional

El resultado del análisis de agrupamiento mostró variabilidad genética homogénea dentro de la ZC y BM. Con base en el análisis bayesiano realizado en el programa STRUCTURE y la corrección sugerida por Evanno *et al.* 2005, muestra que la variabilidad genética de *R. mangle* se encuentra distribuida en dos diferentes grupos (K=2). El Grupo 1 se conformó por los canales El Cuervo (PAEC), El Pedregoso (PAEP) y RMRE que fueron los individuos recolectados azarosamente. Y el Grupo 2 se conformó por los esteros El Puente (PETN), San Buto (PSBO), Santa María (PSTM), El Curl (RMBM) y estero El Chisquete (RMLM). (Fig. 4).

Estructura Genética

El índice de diferenciación genética analizado con el modelo teórico de alelos infinitos de los microsatélites presentó un valor de $F_{ST}=0.14$, lo que indica una alta estructura genética en esta población. Mediante la corrección de Bonferroni ($P<0.008$) se logró identificar diferencia entre las siguientes combinaciones de los sitios: RMBM y RMLM son distintos de PAEP, PSBO, PETN y RMRE además de que RMRE es distinto a PSTM Y PETN (Tabla V).

Tabla V. Comparación pareada de la diferencia en la frecuencia alélica (FST) entre los ocho sitios de *R. mangle* (P<0.008).

MUESTRA	PAEC	PAEP	PSTM	PSBO	PETN	RMRE	RMBM
PAEP	0.042						
PSTM	0.065	0.188					
PSBO	0.103	0.000	0.161				
PETN	0.083	0.177	0.000	0.201			
RMRE	0.038	0.013	0.149	0.066	0.147		
RMBM	0.082	0.236	0.094	0.188	0.214	0.192	
RMLM	0.068	0.268	0.124	0.238	0.246	0.185	0.000

Valores en negritas son estadísticamente significativos.

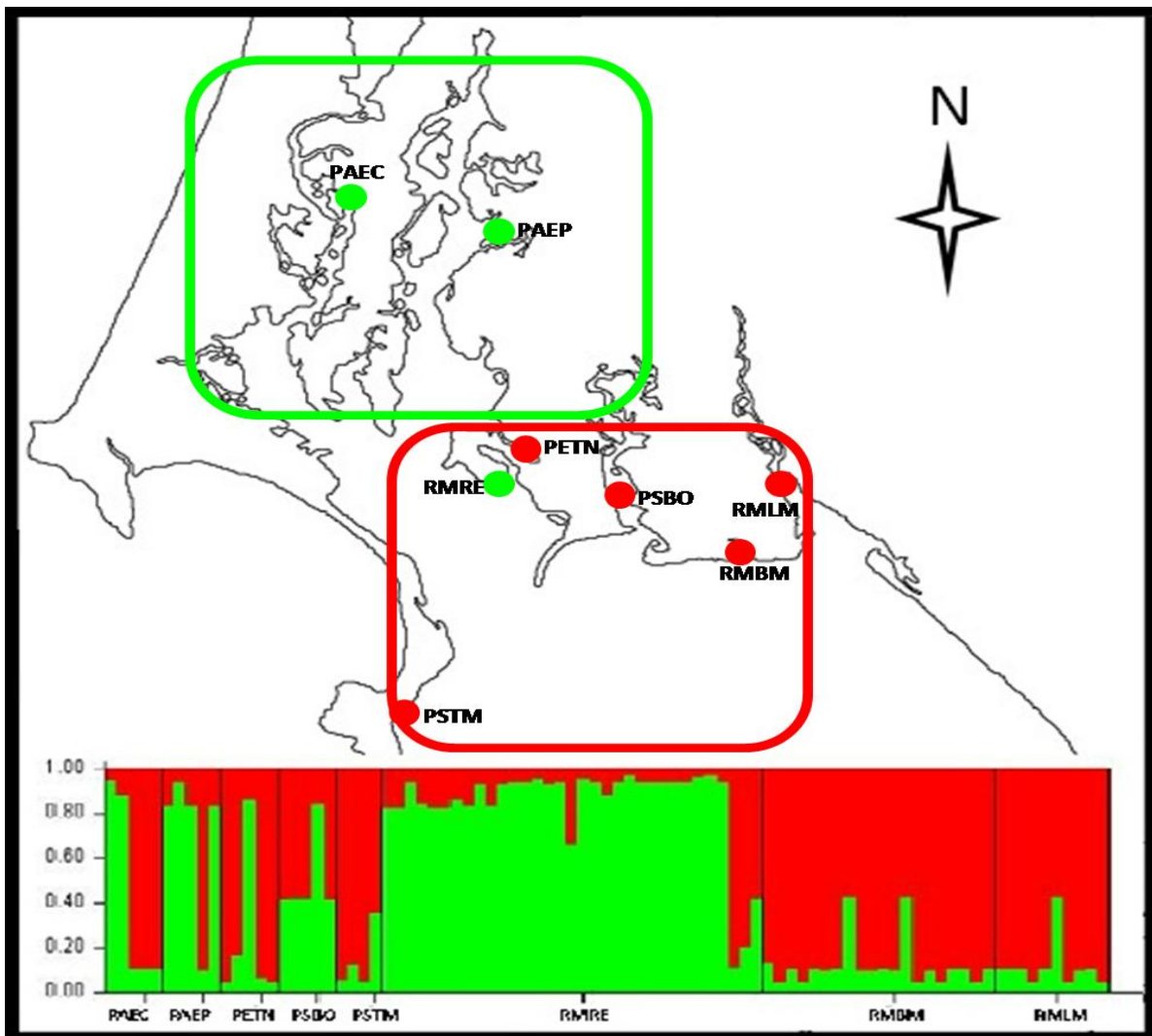


Figura 4. Resultado del análisis de agrupamiento (K=2). El gráfico representa el porcentaje de asignación de cada uno de los individuos de *R. mangle* analizados. Cada color representa un grupo diferente. Color verde Grupo 1 y color rojo Grupo 2.

DISCUSIÓN

Diversidad genética

La diversidad genética registrada en este estudio presentó valores bajos; donde el mayor número de alelos encontrados se identificó en RMRE ($A=2.83$), y la heterocigocidad máxima se registró en PAEC ($H_O=0.43$) siendo éste el lugar más norteño dentro del muestreo del estudio, seguido de RMRE ($H_O=0.34$). En los sitios analizados para *R. mangle* se detectó un alto nivel de endogamia, alta estructura genética y bajo nivel de diversidad genética. En ambas costas de la Península de Baja California se presenta exceso de heterocigocidad y bajos niveles de polimorfismo (Núñez-Farfán *et al.* 2002; Sandoval-Castro *et al.* 2012). Además de que sólo se encuentra una especie del género *Rhizophora*, *R. mangle* por lo que la hibridación es imposible (Muñiz-Salazar *et al.* 2010). Las poblaciones de mangle rojo y mangle negro, en sus límites norte de distribución tanto en el Pacífico como en el Atlántico, los niveles de diversidad genética van disminuyendo, por el contrario el índice de endogamia y la estructura genética aumentan (Sandoval-Castro *et al.* 2012). Por lo que los resultados obtenidos concuerdan con lo reportado anteriormente.

Es de resaltarse que el valor más alto para la riqueza alélica fue en el sitio más norteño PAEC ($RA = 1.93$) y el valor mínimo en el sitio más sureño RMLM ($RA = 1.33$), lo que sería contrario de esperarse de acuerdo a la distribución y no

se ha encontrado algo similar para el mangle rojo. La ubicación de PAEC dentro del Grupo 1 es conveniente debido a que las corrientes de agua se mezclan entre todos los canales, lo cual no ocurre en el estero El Chisguete (RMLM) que se ubica dentro del Grupo 2, porque se encuentra más aislado de los demás esteros y canales ya que las corrientes que llegan a éste estero no son tan mezcladas con las de ZC. También se presentó alto nivel de endogamia ($P < 0.05$), característica común dentro de las poblaciones de *R. mangle* en el Pacífico Mexicano (Nuñez-Farfán *et al.* 2002). El sitio RMRE presentó valores favorables durante el estudio demostrando que la colecta azarosa de propágulos es una excelente manera de incrementar el pool genético dentro de la ZC y BM para el mangle rojo. Y también RMRE presentó que la mayoría de los individuos colectados fueron del Grupo 1 donde existe una mayor mezcla de corrientes entre los diferentes canales y esteros (Fig. 4).

Estructura Genética

De los cinco grupos reportados por Sandoval-Castro (2012) este estudio se ubicó con un valor de $F_{ST}=0.14$, dentro del segundo grupo que comprende la zona del Pacífico Noroccidental Mexicano, aunque generalmente los resultados aquí presentados mostraron bajo nivel de diversidad genética se pudieron detectar dos grupos dentro de la bahía: Grupo 1 para la ZC (PAEC, PAEP, PETN y RMRE) y el Grupo 2 para BM (PSTM, PSBO, RMBM, RMLM), sin descartar que

hay flujo genético entre ellos ya que la zona donde colindan los dos grupos se logra observar cierta mezcla entre los individuos (Fig. 4).

El complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas presenta una circulación de flujo de BM hacia Bahía Almejas (BA en adelante) y la ZC, cuando aguas continentales entran por la Boca de Entrada a la bahía con un efecto dispersivo hacia la parte norte del complejo lagunar. Este proceso se invierte durante el reflujo con mayor magnitud. El patrón de circulación residual presenta una zona de divergencia en la parte central del complejo lagunar, donde parte del agua de BA sale a través de BM (Fig. 5) (Obeso–Nieblas *et al.* 2011). Con base a esto sería de esperarse que sucediera lo mismo entre BM y BA ya que se presenta cierto intercambio de corrientes de agua, dando la posibilidad de intercambio genético de los manglares entre las dos bahías sin omitir que existe cierto aislamiento entre éstas.

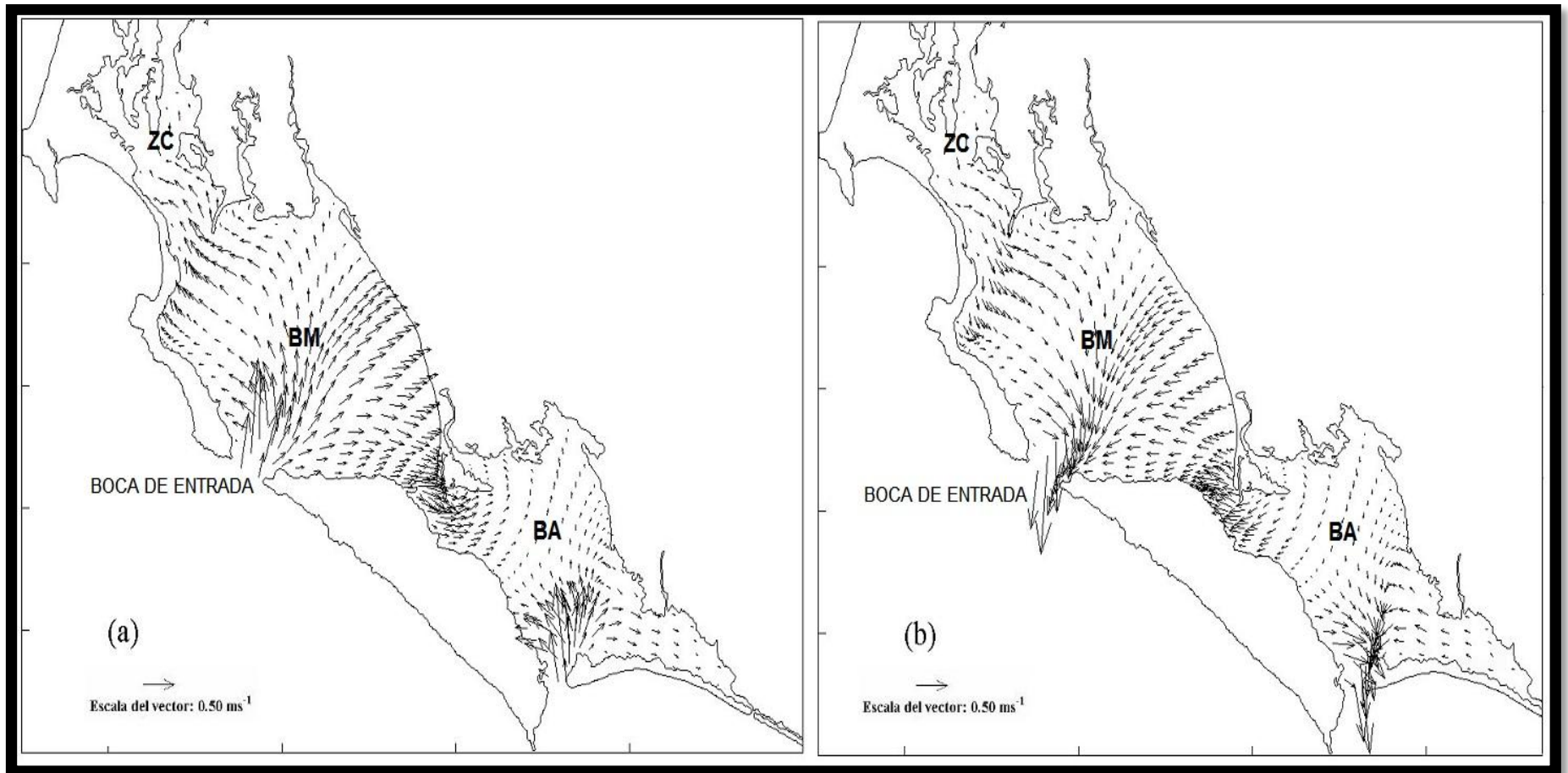


Figura 5. Patrón de corrientes de marea; a) entrada y b) salida en el complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas. ZC=Zona de Canales; BM=Bahía Magdalena y BA=Bahía Almejas. Modificada de Sánchez-Montante *et al.* 2007.

De las principales características positivas que destacan en los propágulos de *R. mangle* es su tamaño y peso, su capacidad de sobrevivir en flotabilidad durante 12 meses y a las plantaciones después de este periodo a la deriva (Rabinowitz 1978). Por otro lado, las condiciones geomorfológicas no son favorables para algunas comunidades de manglar como lo presentó el sitio El Puente (PETN) que siendo un estero muy somero ($2\pm$ mts) y angosto (45 mts), el flujo de corrientes de agua es mínimo (Fig.5) haciendo de la dispersión de propágulos una estrategia genética casi nula, lo mismo se identificó para estero El Chisquete (RMBM) y estero El Curl (RMLM), sin embargo se presenta la polinización como otro modo de dispersión genética en *R. mangle* aunque sea a nivel local (Tomlinson 1994; Tovilla-Hernández y Orihuela-Belmonte 2002). RMRE comprende a los individuos colectados azarosamente de los cuales la mayoría muestran similitud con el grupo de ZC, confirmando que la circulación de las corrientes marinas en la ZC y MB ayuda hasta cierto punto a que los propágulos viajen de un lado otro de la bahía eficientemente. Enriqueciendo la deriva génica del manglar en el complejo lagunar Bahía Magdalena-Almejas.

Las cualidades de *R. mangle* además de su viviparidad y no dejar de reproducirse a nivel celular a menos de que se exponga a la desecación, es la elevada tasa de sobrevivencia a trasplantes en zonas de reforestación y la alta tasa de crecimiento comparada con otras especies (Hogarth 2007). Con el fin de aumentar el éxito de sobrevivencia de los propágulos, en este estudio se

mantuvieron por un periodo de una semana en cubetas con agua dulce y/o hasta presentar rizomas, evitando la mayor mortalidad al ser plantados lo que resultó en una alta sobrevivencia final del 82% para los individuos plantados en el vivero de SFS, lo cual concuerda con otros estudios donde se han realizado plantaciones con la manutención en vivero: En costas del Pacífico de Panamá registraron sobrevivencias desde 85.5% (Sajalices) hasta 78.8% (Bahía Chamé), aunque estos resultados son exitosos también se presentó una baja sobrevivencia de 25% en el sitio de Los Santos, este sitio es un área de deslizamiento de arena por mareas (Berdiales *et al.* 2009), por lo que se infiere que no se tuvo previo conocimiento de las condiciones del lugar a forestar; como suelo, la dinámica hidrológica ni factores fisicoquímicos del agua. Generando pérdida de recursos y tiempo en la reforestación.

Por otra parte, en México también se han realizado estudios de sobrevivencia de manglar con manutención de individuos en vivero presentando una sobrevivencia total de 93% (Benítez-Pardo 2007); y en Chiapas donde también se mantuvieron propágulos en vivero además de que una parte de los propágulos fueron sembrados directamente presentando una sobrevivencia total de 61.7%, la baja sobrevivencia principalmente se debió a los propágulos plantados directamente aunque éstos individuos presentaron mayor crecimiento por día (0.26 cm/día) que los individuos del vivero (0.14 cm/día) (Tovilla-Hernández *et al.* 2004), y ambos resultados son bastante favorables en comparación a lo registrado anualmente por Benítez-Pardo (2007) alrededor de

10 a 15 cm anuales. El crecimiento total de los individuos en este estudio (0.21cm/día) fue similar a los estudios anteriores, el crecimiento como tal se presentó solo en la primera semana (primera medición) debido a que es cuando se llevo a cabo la germinación del propágulo, pero es necesario mencionar que no hubo un crecimiento como tal en todo el periodo de medición (Fig. 3), mostrando un decremento después de la segunda medición. Según Ellison y Farnsworth (1993 y 1996) el crecimiento en *R. mangle* es mayor conforme pasa el tiempo teniendo periodos de bajo crecimiento principalmente en los cambios de estaciones como es verano e invierno. El registro en este estudio se llevo a cabo durante un mes en inicio de primavera por lo que este lapso de tiempo no fue suficiente para poder identificar los altibajos del patrón de crecimiento en los individuos del vivero. En base a lo que Ellison y Farnsworth (1997) mencionan se presenta un mejor crecimiento cuando los factores de inundación y salinidad son regulados en vivero y también menos mortalidad al ser trasplantados. En este estudio se presento un decremento debido a que no se contemplo ningún factor de riego ni de las condiciones fisicoquímicas del agua con que fueron regados, siendo ésta agua tratada de las aguas residuales de las instalaciones de SFS.

Mantener a los propágulos en vivero resulta de vital importancia ya que en esta etapa es cuando son más vulnerables a factores externos como el exceso de la salinidad, la desecación, las corrientes marinas, etc. De las condiciones con las que se mantuvieron los individuos de *R. mangle* en el vivero de SFS, se identificaron dos factores como claves en la sobrevivencia; 1) sembrarse a cierta

distancia un individuo de otro y 2) mantenerse en agua dulce hasta presentar rizomas. Permitiendo tener un cuidado más delicado de cada individuo, ya que la mayor mortalidad se presenta al momento del trasplante, debido a que los rizomas se rompen o son inundados al subir los niveles de mareas (Felbes-Patrón *et al.* 2009; Sánchez 2009).

Los resultados aquí presentados son exitosos debido a los factores externos a la genética de los propágulos de *R. mangle*, sin embargo el conocimiento previo de las condiciones y características genéticas de las poblaciones de manglar robustece la información para determinar si la reforestación es viable o de lo contrario preservar es la mejor opción en determinados lugares donde se pudiera llevar a cabo algún cambio negativo. Haciendo al análisis genético una condición necesaria en la metodología de la población a restaurar antes de llevarse a cabo la parte del vivero.

Es impredecible saber si una forestación tendrá éxito a largo plazo, esto depende del seguimiento constante y la posterior supervisión de las zonas donde se llevo a cabo los trasplantes. La Norma Oficial Mexicana 022-SEMARNAT-2003 establece las especificaciones para la preservación, conservación, aprovechamiento sustentable y reforestación de los humedales costeros en zonas de manglar. Pero no existe una ficha técnica para sitios áridos con la metodología de reforestación con las características biológicas y genéticas de cada especie así como las hidrofísicas del lugar. Ya se ha demostrado que estableciendo

metodologías por especie de mangle, la reforestación de ecosistemas se vuelve un proceso más fácil y asegura el beneficio a largo plazo como en Filipinas (Janssen y Padilla 1996), Estados Unidos (Lewis y Streever 2000), Bangladesh (Vanucci 2004) y Panamá (ACP 2006).

Por lo tanto se recomienda que los trabajos realizados para reforestación de manglares previamente se conozcan las características de la especie, su estructura genética y sus similitudes con otras poblaciones de la misma especie para integrar a la zona de reforestación, enriqueciendo su pool genético y asegurando la prevalencia de la población en la zona. Según la Convención Ramsar (2012) los manglares son considerados como humedales principales para la productividad primaria mundial así como cuna de innumerables especies vegetales y animales como aves, mamíferos, reptiles, anfibios, peces e invertebrados, también son importantes depósitos de material genético vegetal, en la ficha técnica de CONAFOR (2012) se mencionan algunas estrategias como:

- Contar con la anuencia y disposición de los dueños y poseedores de los predios.
- Garantizar la asistencia técnica permanente.
- Asignar el recurso, los insumos y los apoyos en forma oportuna.
- Preparación y protección apropiada para las plantaciones.

- Asegurar el mantenimiento y cultivo de las plantaciones durante los primeros 10 años.
- Utilizar solo especies nativas de las zonas forestales donde se ubiquen los predios.
- Establecer las plantaciones durante el primer mes del periodo de lluvias.
- Empaquetar, transportar y manejar adecuadamente las plantas desde la salida del vivero y hasta el predio a reforestar.
- Seleccionar las especies propias del ecosistema. En cada entidad se encuentra con el listado de las especies forestales disponibles para la reforestación.

Pero en contraste, Eguiarte y cols (2010) mencionan que las estrategias de conservación de la diversidad genética deben diferir de las propuestas hechas hasta ahora para especies arbóreas tropicales, donde la diferenciación genética entre las poblaciones es baja y no se requiere, por ello, mantener un número elevado de poblaciones para mantener la diversidad genética total de la especie. Esto sería una buena consideración para que CONAFOR aplicara a la ficha técnica de reforestación y humedales, pudiendo además consolidar un apartado sobre forestación específica para manglares.

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

1. Se determinaron exitosos los propágulos de *R. mangle* en el vivero para formar parte de una reforestación en Bahía Magdalena B. C. S., México.
2. Se identificó mayor riqueza alélica en el sitio más norteño lo cual no se ha presentado en estudios anteriores para *R. mangle* en México.
3. La diversidad genética entre los individuos plantados fue mayor a la de los individuos silvestres de Bahía Magdalena y Zona de Canales.
4. La población de *R. mangle* en Bahía Magdalena presentó alto grado de endogamia en la zona norte.
5. De acuerdo al análisis de agrupamiento bayesiano, la diversidad genética se distribuye en dos grupos diferentes para *R. mangle* en Bahía Magdalena, uno en la Zona de Canales y otro en Bahía Magdalena.
6. Se presentó un 82% de sobrevivencia en los individuos plantados en el vivero de SFS.
7. Debido al corto tiempo de monitoreo, no se pudo observar un crecimiento claro en los individuos, sino que se mostró un decremento en esta etapa.
8. El éxito de los propágulos de *R. mangle* en el vivero de SFS para Bahía Magdalena no depende de la genética de los mismos.
9. La recolecta aleatoria de propágulos de *R. mangle* es el inicio de una reforestación exitosa en Bahía Magdalena ya que se evita la endogamia en las nuevas generaciones.

10. Se determinó la fase de vivero como parte esencial de una reforestación para *R. mangle* asegurando una mayor sobrevivencia.
11. Se recomienda aumentar el análisis genético hasta Bahía Almejas en estudios posteriores.
12. Se recomienda seguir con estudios de restauración con fase de vivero y la evaluación genética de las diversas especies de manglar en México. Así como agregar una ficha técnica en la NOM-022-SEMARNAT-2003 especializada en reforestación para sitios áridos.

LITERATURA CITADA

- ACOSTA-VELÁZQUEZ J.Y. A. VÁZQUEZ-LULÉ. 2009. Caracterización del sitio de manglar Bahía Magdalena, en Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). *Sitios de manglar con relevancia biológica y con necesidades de rehabilitación ecológica*. CONABIO.
- ACOSTA-VELÁZQUEZ J. y RUÍZ-LUNA A.L. 2007. Variación en la cobertura, distribución y estructura de los manglares del complejo lagunar Bahía Magdalena-Bahía Almejas (1990- 2005). En: *Estudios Ecológicos en Bahía Magdalena*. (Ed. G.-G.J. FUNES-RODRÍGUEZ R, PALOMARES-GARCÍA R.). CICIMAR-IPN. 127-141
- ACP: AUTORIDAD DEL CANAL DE PANAMÁ. 2006. *Manual de Reforestación*. División de Administración Ambiental. Sección de Manejo de Cuenca. Revisado en: 01 de Marzo del 2012. <http://www.acp.gob.pa/esp/cuenca/manual-de-reforestacion.pdf>
- AGRÁZ-HERNÁNDEZ C. 1999. Reforestación experimental de manglares en ecosistemas lagunares estuarinos de la costa noroccidental de México. Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey. Tesis Doctorado. 132 pp.
- AGRÁZ-HERNÁNDEZ C., NORIEGA-TREJO R., LÓPEZ-PORTILLO J., FLORES-VERDUGO J. Y JIMÉNEZ-ZACARÍAS J. 2006. *Guía de Campo. Identificación de los Manglares en México*. Universidad Autónoma de Campeche. 45 pp.

- BAGGLEY K. E HINOJOSA-ARANGO G. 2010. Assessing the rate and pattern of recovery of deforested mangroves in Magdalena Bay, Baja California Sur, Mexico. Reporte Interno. The School For Field Studies. 41 pp.
- BECERRA V. y PAREDES M. 2002. Uso de marcadores bioquímicos y moleculares en estudios de diversidad genética. *Agric. Téc.* 60:270-281.
- BENÍTEZ-PARDO D. 2007. Forestación artificial con manglares en isletas de dragados en una región semiárida de México. Tesis Doctorado. IPN-CICIMAR. La Paz B. C.S. México. 104 pp.
- BENÍTEZ-PARDO D., FLORES-VERDUGO F. y VALDEZ-HERNÁNDEZ J. 2002. Reproducción vegetativa de dos especies arbóreas en un manglar de la costa norte del Pacífico Mexicano. *Madera y Bosques* 8: 57-71.
- BERDIALES J., CHAVARRÍA J. y GONZÁLEZ C. 2009. Informe Final del Componente de Repoblación en el Manglar del Pacífico Panameño. (Ed. by A.N.D. AMBIENTE). Dirección de Fomento de la Cultura Ambiental, Panamá. 22 pp.
- BRIONES E., ARCE S. y TAPIA A. 2011. Propuesta Técnica de Criterios para la Selección de sitios de Reforestación (restauración), de Manglares en la Costa Ecuatoriana. *EcoCiencia*. 57 pp.
- CERÓN-SOUZA I., RIVERA-OCASIO E., FUNK S. y McMILLAN W.O. 2006. Development of six microsatellite loci for black mangrove (*Avicennia germinans*). *Molecular Ecology notes* 6: 692- 694.
- CHOUNDRY J. 2012. La ordenación sostenible de los manglares costeros, desarrollo y necesidades sociales. *Manglares y otros bosques costeros*. Forest

Department Government of Bangladesh, Bangladesh. Revisado el 30 de agosto de 2011. <http://es.scribd.com/doc/61608629/Manglares-y-Otros-Bosques-Costeros>

CONABIO. 2008. Manglares de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México. *Biodiversidad*. 35 pp.

CONAFOR. 2012. Comisión Nacional Forestal, México. Algunos derechos reservados 2010. Revisado 14 de Marzo del 2012. <http://www.conafor.gob.mx/portal/index.php/temas-forestales/reforestacion>

DAY W., CORONADO-MOLINA C., VERA- HERRERA F., CHOUNDRY J., TWILLEY., RIVERA-MONROY C., ÁLVAREZ- GUILLEN H., DAY R. y CONNER W. 2002. A 7 year record of above-ground net primary production in a southeastern Mexican mangrove forest. *Aquatic Botany* 55: 39-60.

NOM. 2012. Norma Oficial Mexicana NOM-022-SEMARNAT-2003, que establece las especificaciones para la preservación, conservación, aprovechamiento sustentable y restauración de los humedales costeros en zonas de manglar. Revisado 9 de marzo 2012. En: <http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/3281/1/nom-022-semarnat-2003.pdf>

EGUIARTE E., AGUIRRE- PLANTER E., SCHEINVAR E., GONZÁLEZ- GONZÁLEZ A. y SOUZA V. 2010. Flujo génico, diferenciación y estructura genética de las poblaciones, con ejemplos en especies de plantas mexicanas. Laboratorio de Evolución

Molecular y Experimental. Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México.

1993. Seedling survivorship, growth, and response to disturbance in Belizean mangal. *American Journal of Botany*. 80 (10): 1137-1145 pp.

ELLISON A. y FARNSWORTH E. 1996. Spatial and temporal variability in growth of *Rhizophora mangle* saplings on coral cays: links with variation in insolation, herbivory, and local sedimentation rate. *Journal of Ecology*. 84: 717-731.

ELLISON A. y FARNSWORTH E. 1997. Simulated sea level change alters anatomy, physiology, growth, and reproduction of mangrove (*Rhizophora mangle* L.) *Oecología*. 112: 435-446.

ELSTER C. 2000. Reasons for reforestation success and failure with three mangrove species in Colombia. *Forest Ecology and Management* 13: 201-214.

EVANNO G., REGNAUT S. y GOUDET J. Detecting number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology* 14:2611-2620.

EXCOFFIER L. y LISCHER H. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10:564-567.

EXCOFFIER L. SMOUSE P. E., QUATTRO J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131: 479-491.

- FEBLES-PATRÓN J., NOVELO-LÓPEZ J. y BATLLORI-SAMPEDRO E. 2009. *Madera y Bosques*. 15 (3):65-86.
- FOROUGHBAKHCH R. C.E., ALVARADO A., NÚÑEZ A. y MOHAMMAD H. 2004. Aspectos ecológicos de los manglares y su potencial como fitorremediadores en el Golfo de México. *Ciencia UANL*. VII: 203-208.
- FUNES-RODRÍGUEZ R., GÓMEZ-GUTIÉRREZ J. y PALOMARES-GARCÍA R. 2007. *Estudios ecológicos en Bahía Magdalena*. CICIMAR-IPN, La Paz, Baja California Sur, México 21-28 pp.
- GOLLEY F. 1962. The structure and metabolism of a Puerto Rican Red mangrove forest in May. *Ecology* 43: 9-19.
- GOUDET J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices version 2.9.3. Institut d'Ecologie, Bâtiment de Biologie Université de Lausanne. Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>, Switzerland.
- HAK J., LÓPEZ-MEDELLIN X., BELTRÁN J., JOSSE C., STEIN B. y WHITE R. 2008. Mapping and Analysis of Mangrove Habitat Extent Change in Baja California Sur from 1986 to 2001. Pronatura Noroeste.
- HERNÁNDEZ-RIVAS M J., GÓMEZ-GUTIÉRREZ J., SÁNCHEZ-ORTÍZ, R. SALDIERNA-MARTÍNEZ y G. VERA-ALEJANDRE. 1993. Atlas de la temperatura superficial en el complejo lagunar Bahía Magdalena-Bahía almejas, Baja California Sur, México. 1980-1989. *Secretaría de Marina. Centro Nacional de Datos Oceanográficos de la Secretaría de Marina. Sección Físico-Químico* 2: 1-87.

- HOGARTH P. 2007. *The biology of Mangroves and Seagrasses*. Oxford University Press, New York, 273 pp.
- JANSEEN R. y PADILLA J. 1996. Valuation and Evaluation of Management Alternatives for the Pagbilao Mangrove Forest. CREED Working Paper Series No 9. 48 pp.
- JIAN S., TANG T., ZHONG Y. y SHI S. 2004. Variation in inter-simple sequence repeat (ISSR) in mangrove and non-mangrove populations of *Heritiera littoralis* (Sterculiaceae) from China and Australia. *Aquatic Botany* 79: 75-86.
- LEWIS R. y STREEVER B. 2000. Restoration of mangrove habitat. WRP Technical Notes Collection (ERDC TN-WRP-VN-RS-3.2), U.S. Army Engineer Research and Development Center. Vicksburg.
- LINARES-MAZARIEGOS R.M., TOVILLA-HERNÁNDEZ C. y DE LA PRESA-PÉREZ J. C. 2004. Educación ambiental: una alternativa para la conservación del manglar. *madera y Bosques Número especial 2*: 105-144.
- LÓPEZ-PORTILLO J. y EZCURRA E. 2002. Los manglares de México: una revisión. *Madera y Bosques Número especial*: 27-51.
- LÓPEZ-MEDELLÍN X., EZCURRA E., GONZÁLEZ-ABRAHAM C., HAK J., SANTIAGO L. y SICKMAN J. 2011. Oceanographic anomalies and sea level rise drive mangroves inland in the Pacific coast Mexico. *Journal of Vegetation Science*. 22:143-151.

- MAGUIRRE T., R. PEAKALL. y SAENGER P. 2002. Comparative analysis of genetic diversity in the mangrove species *Avicennia marina* (Avicenniaceae) detected by AFLPs and SSRs. *Theor Appl Genet* 104: 388-398.
- MUÑOZ-SALAZAR R., SANDOVAL-CASTRO E., RIOSMENA-RODRÍGUEZ R., ENRÍQUEZ-PAREDES L. M., TOVILLA-HERNÁNDEZ y ARREDONDO-GARCÍA C. 2010. Estructura genética poblacional del mangle rojo (*Rhizophora mangle* L.) en el Noroeste de México.
- NAVARRETE A. y OLIVA-RIVERA J. 2002. Producción de hojarasca de *Rhizophora mangle* en Bacalar Chico, al sur de Quintana Roo, México. *Universidad y Ciencia*.18-36: 79-86.
- NETTEL A. y DODD. R. 2006. Drifting propagules and receding swamps: genetic footprints of mangrove recolonization and dispersal along tropical coasts. *Evolution* 61-4: 958-971.
- y . 2008. Genetic diversity enhanced by ancient introgression and secondary contact in East Pacific black mangroves. *Molecular Ecology* 17, 2680-2690.
- NÚÑEZ-FARFÁN J., DOMÍNGUEZ A. C., EGUIARTE E. L., CORNEJO A., QUIJANO M. y DIRZO R. 2002. Genetic divergence among Mexican populations of red mangrove (*Rhizophora mangle*): geographic and historic effects. *Evolutionary Ecology Research*.4:1049-1064.
- OBESO-NIEBLAS M., GAVINO-RODRÍGUEZ J. y JIMÉNEZ-LLESCAS A. 1999. Modelación de la marea en el sistema lagunar Bahía Magdalena-Almejas, B.C.S., México. *Oceánides* 14: 78-88.

- OBESO-NIEBLAS M., SHIRASAGO- GERMÁN B. y JIMÉNEZ-LLESCAS A. 2011. Fisiografía Regional. In: *Perspectivas para el desarrollo acuacultural del sistema lagunar de Bahía Magdalena-Almejas Baja California Sur, México*. IPN, México, D.F. 130 pp.
- ODUM P.E. y BARRETT G.W. 2006. *Fundamentos de Ecología*. Thomson, México. 598 pp.
- PARK S. D. E. 2001. Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection. Ph.D. thesis. University of Dublin.
- PHILLIPS M. 1998. Tropical maricultura and coastal environmental integrity. In: De Silva, S. ed. *Tropical Maricultura*. Academy Press. Londres. 17-69.
- RABINOWITZ D. 1978. Dispersal properties of Mangrove propagules. *Biotropica*. 10-1: 47-57.
- RAMSAR ORG. 2012. Revisado el 14 de Marzo del 2012. En: http://www.ramsar.org/pdf/res/key_res_viii_02_s.pdf
- RAYMOND M. y ROUSSET F. 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity*, 86:248-249.
- REYES-CHARGOY M.A. y TOVILLA-HERNÁNDEZ C. 2002. Restauración de áreas alteradas de manglar con *Rhizophora mangle* en la Costa de Chiapas. *Madera y Bosques Número especial*: 103-114.
- RICE W. 1989. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*. 43: 223-225.
- RICO-GRAY V. y LOT A. 1983. Producción de hojarasca del manglar de la laguna de La Mancha, Veracruz, México. *Biótica* 8:3.

- ROSALES-VILLA A. 2004. Dinámica de nutrimentos en Bahía Magdalena, B.C.S., México., Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas, Vol. Maestría, Universidad Autónoma de Baja California Sur, La Paz, B.C.S., México.
- ROSETO-GALINDO C., GAITAN-SOLIS E., CÁRDENAS-HENAO. H., TOHME J. y TORO-PEREA N. 2002. Polymorphic microsatellites in mangrove species, *Rhizophora mangle* L. (Rhizophoraceae). *Molecular Ecology notes* 2: 281-283.
- ROUSSET, F. 2008. Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Mol. Ecol. Resources* 8: 103-106.
- RUÍZ L., y HERNÁNDEZ R. 1999. Desarrollo de la camaronicultura en el sur de Sinaloa. Laboratorio de manejo ambiental. Centro de Investigaciones Alimentarias y Desarrollo. Unidad Mazatlán. 36 pp.
- SAENGER P. y SNEDAKER S. 1993. Pantropical trends in mangrove above-ground biomass and annual litterfall. *Oecologia* 96: 293-299.
- SÁNCHEZ H. 2009. Experiencias de zonificación y restauración de los manglares en la costa Caribe de Colombia. *XIII Congreso Forestal Mundial*. Buenos Aires, Argentina. 18-23.
- . 2007. Condiciones hidrofísicas en el sistema lagunar Bahía Magdalena-Almejas. En: Funes-Rodríguez R, Gómez-Gutiérrez J, Palomares-García R (eds) Estudios ecológicos en Bahía Magdalena. CICIMAR-IPN, La Paz, Baja California Sur, México, 1-28.
- SANDOVAL-CASTRO E. 2012. Diversidad y estructura genética de *Avicennia germinans* y *Rhizophora mangle*, en los ecosistemas de manglar de México.

- Universidad Autónoma de Baja California. Facultad de Ciencias Marinas.
Instituto de Investigaciones Oceanológicas. Tesis de Doctorado. 132 pp.
- SANDOVAL-CASTRO E., MUÑIZ-SALAZAR R., ENRÍQUEZ-PAREDES L. M., RIOSMENA-RODRÍGUEZ R., DOOD R., TOVILLA-HERNÁNDEZ C. y ARREDONDO-GARCÍA M. 2012. Genetic population structure of red mangrove (*Rhizophora mangle* L.) along the northwestern coast of México. *Aquatic Botany*. <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquabot.2012.01.002>.
- SEMARNAP (Secretaría de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Pesca). 1999. Informe. Delegación Estatal de Sinaloa.
- SER: Society for Ecological Restoration International. 2004. Principios de SER International sobre la restauración ecológica. www.ser.org y Tucson: *Society for Ecological Restoration International*.
- TOMLINSON P. 1986. *The Botany of Mangroves*. Cambridge University Press. London. 413 pp.
- TOMLINSON P. 1994. *The Botany of Mangroves*. Cambridge University Press Cambridge, UK.
- TOVILLA-HERNÁNDEZ C. 1994. Manglares. En: De la Lanza E. y Cáceres M. Lagunas costeras y el litoral mexicano. UABCS. México. 371-423.
- TOVILLA-HERNÁNDEZ C. y ORIHUELA-BELMONTE E. 2002. Supervivencia de *Rhizophora mangle* L. en el manglar de Barra de Teconapa, Guerrero, México. *Madera y Bosques. Número especial*: 89-102.

- TOVILLA-HERNÁNDEZ C., ROMÁN-SALAZAR A., SIMUTA-MORALES G. Y LINARES-MAZARIEGOS R. 2004. Recuperación del manglar en la Barra del Río Cahoacán, en la costa de Chiapas. *Madera y Bosques* 2: 77-91.
- TRIST L. 2007. Molecular ecology and biogeography of mangrove trees towards conceptual insights on gene flow and barriers: A review. *Research Group Plant Science and Nature Management*. Brussels University.
- VANNUCCI M. 2004. *Mangrove Management & Conservation*. Present & Future. Tokyo. University Press. United Nations. 324 pp.
- WELL S., RAVILIOUS C. y CORCORAN E. 2006. Shoreline protection and other ecosystem services from mangroves and coral reefs. *UNEP, WCMC. United Kindom*. 33 pp.
- WHITMORE R., BRUSCA R., LEÓN DE LA LUZ J., GONZÁLEZ-ZAMORANO P., MENDOZA-SALGADO R., AMADOR-SILVA E., HOLGUIN G., GALVÁN-MAGAÑA F., HASTINGS P., CARTRON J., FELGER R., SEMINOFF J y McIVOR C. 2005. The Ecological Importance of Mangroves un Baja California Sur: Conservation Implications for an Endangered Ecosystem. In: *Biodiversity, ecosystems, and conservation in nothern Mexico*. Oxford University Press. New York City. 289-333.
- WRIGHT S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19:395-420.

ZALDÍVAR-JIMÉNEZ A., HERRERA-SILVEIRA J., CORONADO-MOLINA C. y ALONZO-PARRA D.

Estructura y productividad de los manglares en la reserve de la biosfera Ría Celestún, Yucatán, México. *Madera y bosques*. Número especial 2:25-35.

ZAYTSEV O., SÁNCHEZ-MONTANTE O. y ROBINSON CJ. 2007. Características del ambiente hidrofísico de la plataforma continental y zona oceánica adyacente al sistema lagunar Bahía Magdalena-Almejas. En: *Estudios ecológicos en Bahía Magdalena*. (Ed. GÓMEZ-GUTIÉRREZ J., FUNES-RODRÍGUEZ R., PALOMARES-GARCÍA.). CICIMAR-IPN, La Paz, Baja California Sur, México. 29-43.