



UNIDADES GENÉTICAS PARA LA CONSERVACIÓN DE *Mammillaria* (CACTACEAE)

GENETIC UNITS FOR THE CONSERVATION OF *Mammillaria* (CACTACEAE)

Sofía Solórzano*, Oswaldo Téllez, Ricardo Álvarez-Espino y Patricia Dávila

Unidad de Biotecnología y Prototipos (UBIPRO), Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. Avenida de los Barrios 1. 54090, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México, México.

*Autor para correspondencia (solorzanols@unam-mx)

RESUMEN

Mammillaria agrupa a 200 especies, 164 registradas en México, 85 % son endémicas y 113 están en la Norma Oficial Mexicana NOM-059 SEMARNAT-2010. A pesar de su importancia en la biodiversidad y de su grave crisis de conservación, la escasa información documentada en estas especies no permite proponer estrategias para protegerlas. Nuestro objetivo fue estimar los niveles de diversidad genética poblacional en *M. hernandezii*, *M. kraehenbuehlii* y *M. napina* para identificar unidades genéticas de conservación. Se genotiparon con 10 loci de microsatélites 24 individuos de dos poblaciones de *M. hernandezii* y 120 individuos de cinco poblaciones para cada una de las otras dos especies. En las tres especies se estimaron niveles de heterocigosidad observada menores que los esperados (*M. hernandezii* 0.58, 0.65; *M. kraehenbuehlii* 0.61, 0.73; y *M. napina* 0.56, 0.74), la diversidad alélica varió de cinco (*M. hernandezii*) a ocho alelos en las otras dos especies. Las tres especies mostraron una deficiencia de heterocigotos que puede deberse a deriva genética porque sus poblaciones son pequeñas, aunque la autofecundación también podría participar. Entre las poblaciones de las tres especies los niveles de flujo génico fueron altos, lo que indica que podría ser la deriva genética y el sistema de dispersión de polen y semillas lo que determina la estructura genética. Para *M. kraehenbuehlii* y *M. napina* se proponen tres grupos genéticos para que sean considerados como referencias para programas de conservación de estas especies y de sus hábitats. Las principales amenazas para las tres especies son la severa transformación del paisaje que aísla a sus poblaciones y el saqueo. En *M. hernandezii* se debe incrementar el número de poblaciones estudiadas para tener resultados concluyentes de su diversidad genética poblacional, por el momento el patrón de distribución geográfica en parches pequeños indica una severa fragmentación que insta a tomar medidas urgentes para su protección y manejo.

Palabras clave: *Mammillaria hernandezii*, *Mammillaria kraehenbuehlii*, *Mammillaria napina*, diversidad genética, unidades de conservación.

SUMMARY

Mammillaria groups 200 species. Mexico harbors 164 species, 85 % are endemic and 113 are listed in the Official Mexican Standard NOM-059 SEMARNAT-2010. In spite of their importance in biodiversity and serious conservation crisis, the scarce information documented for these species does not allow proposals for protection strategies. Our objective was to estimate the population genetic diversity levels of *M. hernandezii*, *M. kraehenbuehlii* and *M. napina* to identify genetic conservation units. Twenty-four individuals from two *M. hernandezii* populations and 120 individuals from five populations for the other two species were genotyped with ten microsatellite loci. In the three species the observed heterozygosity levels were lower than the expected ones (*M. hernandezii* 0.58, 0.65; *M. kraehenbuehlii* 0.61, 0.73; and *M. napina* 0.56, 0.74). The allelic diversity ranged from five (*M. hernandezii*) to eight alleles in the other two species. The three species showed heterozygotic deficiency possibly due to genetic drift since their populations are small, but selfing may also be involved. Gene flow levels were high for the three species indicating that genetic drift, pollen and seed dispersal systems determine the genetic structure. Three genetic groups are proposed for *M. kraehenbuehlii* and *M. napina* to be considered as reference for conservation programs of the species and their habitats. The main threats for the three species are severe landscape transformation, which isolates the populations, and looting. For *M. hernandezii*, the number of studied populations should increase to guarantee conclusive results of its population genetic diversity. Currently, the geographic distribution pattern in small patches indicates severe habitat fragmentation that urges to take actions for its protection and management.

Index words: *Mammillaria hernandezii*, *Mammillaria kraehenbuehlii*, *Mammillaria napina*, genetic diversity, conservation units.