



Madera y bosques

ISSN: 1405-0471

ISSN: 2448-7597

Instituto de Ecología A.C.

Pingarroni, Aline; Molina-Garay, Carolina; Rosas-Osorio, Carlos; Alfonso-Corrado, Cecilia; Clark-Tapia, Ricardo; Monsalvo-Reyes, Alejandro; Campos, Jorge E.
Abundancia y diversidad genética de *Quercus mulleri*, especie microendémica amenazada de Oaxaca.
Madera y bosques, vol. 26, núm. 1, e2611782, 2020, Enero-Abril
Instituto de Ecología A.C.

DOI: 10.21829/myb.2020.2611782

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=61763451011>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

UAEM
redalyc.org

Sistema de Información Científica Redalyc
Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto



Abundancia y diversidad genética de *Quercus mulleri*, especie microendémica amenazada de Oaxaca

Abundance and genetic diversity of *Quercus mulleri*, microendemic, threatened species from Oaxaca

Aline Pingarroni¹, Carolina Molina-Garay¹, Carlos Rosas-Osorio¹, Cecilia Alfonso-Corrado², Ricardo Clark-Tapia², Alejandro Monsalvo-Reyes¹ y Jorge E. Campos^{1*}

¹ Universidad Nacional Autónoma de México. FES-Iztacala. Unidad de Biotecnología y Prototipos. Laboratorio de Bioquímica Molecular. Tlalnepantla, Estado de México, México.

² Universidad de la Sierra de Juárez. Instituto de Estudios Ambientales. Ixtlán de Juárez, Oaxaca, México.

* Autor de correspondencia. jcamps@unam.mx

RESUMEN

Quercus mulleri es un encino microendémico de la Sierra Sur de Oaxaca y se encuentra dentro de la Lista Roja de Especies amenazadas de la UICN como “en peligro crítico”, sin embargo, debido a la falta de información actual sobre la especie, no se conoce el estado de conservación de sus poblaciones y, por lo tanto, no se ha podido asignar una categoría adecuada de riesgo. El estudio se realizó con el objetivo de analizar abundancia, distribución y diversidad genética de la especie, para proponer estrategias de conservación adecuadas. Los individuos localizados fueron georreferenciados, se les midió la altura y el diámetro a la altura del pecho para clasificarlos en cinco clases de tamaños; la diversidad genética se analizó empleando cinco regiones de microsatélites de la serie *quru-GA*. Se relocalizó la especie, encontrando que está restringida a una pequeña región de la Sierra Sur, donde se encuentra de manera fragmentada y aislada geográficamente. Sus poblaciones mostraron baja frecuencia de individuos por clase de tamaño (6.13 ± 5.6). Los valores de diversidad alélica, empleando cinco regiones de microsatélites de la serie *quru-GA*, fueron bajos ($\mathcal{A}T=22$ y $\mathcal{A}\sigma=4.4$) y los de diversidad genética fueron moderados ($H_o=0.54$), lo que sugiere que la población atravesó por un cuello de botella. Este trabajo representa el primer reporte de *Q. mulleri* después de más de 60 años de su última clasificación taxonómica, y los resultados indican que *Q. mulleri* es una especie vulnerable, dado que en su zona de distribución existe un proceso de pérdida de hábitat que, junto con la fragmentación de su población, ponen en riesgo la permanencia de la especie, por lo que se recomienda incluirla en la Norma Oficial Mexicana 059 como “Especie en Peligro de Extinción”.

PALABRAS CLAVE: estructura genética, estructura de tamaños, distribución espacial, microsatélites.

ABSTRACT

Quercus mulleri is a microendemic oak from the Sierra Sur of Oaxaca and is considered in IUCN red list of threatened species as “critically endangered”, however, due to lack of current information on the species, the conservation status of its populations is unknown, and therefore it has not been possible to allocate an appropriate risk category to it. This work represents the first report of *Q. mulleri* after more than 60 years of its last taxonomic classification, with the aim to analyze its abundance, distribution and genetic diversity to propose conservation strategies. The species was re-localized, and we found that it is restricted to a small region in Sierra Sur and is fragmented and geographically isolated. Species populations have low individual frequency by size class (6.13 ± 5.6). Allelic diversity values, using five microsatellite regions from the *quru-GA* series, were low ($\mathcal{A}T=22$ and $\mathcal{A}\sigma=4.4$), but genetic diversity values were relatively high ($H_o=0.54$), suggesting that the population went through a bottleneck. Results indicate that *Q. mulleri* is a vulnerable species, and since in its distribution area there is an ongoing habitat loss plus its population fragmentation, its permanence could be at risk, and for this we recommend including this species in the Norma Oficial Mexicana 059 as “Species at Extinction Risk”.

KEYWORDS: genetic structure, size structure, spatial distribution, microsatellites.

INTRODUCCIÓN

El aumento en la extinción de especies con tamaños poblacionales pequeños y distribución restringida, conocidas como especies raras (Jones *et al.*, 2013; Sekercioglu, Schneider, Fay y Loarie, 2008) ha llevado a la preocupación por la viabilidad de muchas plantas y animales debido a su alta sensibilidad a procesos de cambio ambiental y, por lo tanto, a la necesidad de realizar mayores esfuerzos para su conservación (Dodd y Hellenurm, 2002). Dado que las especies raras se enfrentan a un futuro cada vez más incierto, diversos estudios han intentado identificar los rasgos que caracterizan a las especies raras (Baskauf, McCauley y Eickmeier, 1994; Rabinowitz, Cairns y Dillon, 1986). En este contexto los aspectos genéticos han recibido atención debido a que la supervivencia a largo plazo de una especie depende del hábitat y de los factores demográficos, pero estos en última instancia se encuentran vinculados a la variabilidad genética presente en una especie (Dodd y Hellenurm, 2002).

Los estudios de variación genética en plantas han revelado una fuerte asociación entre el nivel de diversidad genética en una especie y su distribución geográfica (Hamrick y Godt, 1989). En general, las especies de amplia distribución mantienen los niveles de variabilidad genética considerablemente más altos que las especies endémicas, lo cual se ha asociado a su aislamiento geográfico o su tamaño poblacional pequeño (Baskauf *et al.*, 1994). En años recientes, los estudios con microsatélites nucleares en especies de encinos mexicanos endémicos (Alfonso-Corrado *et al.*, 2014; García-Méndez, 2014; Gorgonio-Ramírez, 2012), han mostrado ser útiles para el análisis de la diversidad y la estructura genética de poblaciones de especies a escala local, con fines de conservación, (García-Méndez, 2014; Gorgonio-Ramírez, 2012; Rosas-Osorio *et al.*, 2010), efecto del manejo forestal (Rosas-Osorio *et al.*, 2010) y el efecto del cambio climático en la genética de la especie (García-Méndez, 2014).

No obstante, para el género *Quercus* la mayoría de los estudios acerca de la variabilidad genética se han realizado con especies de amplia distribución (e.g. *Q. grisea*, *Q. petrea*,

Q. rubra, *Q. suber*, *Q. semiserrata* etc.). Estos trabajos demuestran que estas especies a pesar de que se enfrentan a la pérdida y fragmentación del hábitat presentan altos niveles tanto de diversidad genética como alélica, junto con una estructura poblacional poco marcada (Bruschi, Vendramin, Bussotti, y Grossoni, 2000; Cottrell *et al.*, 2003; Curtu, Gailing, Leinemann y Finkeldey, 2007; Rosas-Osorio *et al.*, 2010; Soto, Lorenzo, y Gil, 2007). Sin embargo, en especies de encinos raras o endémicas es poco lo que se conoce y, además, es contradictorio; por ejemplo, en *Q. miyagii*, endémico de las islas de Japón se ha registrado diversidad alélica y genética baja (Kawaji, Kaneko, Tateno, Isagi y Yoneda, 2009), mientras que en *Q. macdougallii*, endémico de Oaxaca, México, se ha encontrado una diversidad alélica y genética moderada (Molina-Garay, 2011).

Q. mulleri Martínez es un encino endémico de Sierra Sur, Oaxaca, del que hasta la fecha solamente se conocían dos poblaciones registradas en 1953; la primera localizada en San Pedro Sosoltepec, Distrito de Yautepec en la Sierra Sur del estado de Oaxaca y la segunda se encuentra en San Pablo Topiltepec a unos 15 km de la primera población (Martínez, 1953). Esta limitada distribución y el restringido intervalo altitudinal en el que distribuye la especie, que va de los 1000m a los 1800 m snm (Valencia y Nixon, 2004) la clasifican en especie microendémica, como se sugiere para especies con escasa distribución geográfica (Meiners-Ochoa y Hernández-López, 2007).

Q. mulleri se encuentra dentro de la lista roja de encinos (The Red List of Oaks) de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN siglas en inglés) (Oldfield y Eastwood, 2007). Sin embargo, desafortunadamente el conocimiento biológico de la especie es insuficiente al no contar con información de aspectos ecológicos o genéticos que permitan realizar una evaluación correcta y poder asignarle alguna categoría de riesgo adecuada (Oldfield y Eastwood, 2007). Particularmente, si se considera que el área donde se distribuye la especie en la Sierra Sur de Oaxaca esta sujeta a actividades de manejo forestal y cambio de uso de suelo hacia actividades agrícolas. Se ha señalado que la



fragmentación y pérdida de hábitat debido al cambio de uso de suelo (Murcia, 1995) y al desarrollo de actividades productivas, pueden conducir a una irremediable pérdida de especies (Pimm y Raven, 2000).

OBJETIVOS

Determinar la abundancia, la distribución y la variación y estructura genética de *Quercus mulleri* en toda su área de distribución conocida en la Sierra Sur de Oaxaca, México, con la finalidad de proponer estrategias de conservación para la especie.

MATERIALES Y MÉTODOS

Abundancia y distribución de la especie: localidad tipo y nuevas poblaciones

En el mes de febrero del 2009 se localizó la población tipo colectada por Martínez en 1953, en San Pedro Sosoltepec perteneciente al municipio de Santa María Ecatepec en el distrito de Yautepec, Sierra Sur del estado de Oaxaca (Fig. 1). En dicho período, se realizó una búsqueda de nuevas localidades en el Distrito de Yautepec. Dado que no se encontró la especie en los municipios visitados se

entrevistó a personas de las diferentes localidades y municipios, ya que el conocimiento local es una herramienta valiosa en estudios de ecología (Brook y McLachlan, 2008). A los entrevistados se les mostró imágenes de la especie para saber si tenían conocimiento del encino y lo ubicaban en la región. Sólo tres comunidades cercanas a la localidad tipo identificaron al encino; sin embargo, coincidieron en que su distribución era restringida al municipio de San Pedro Sosoltepec, región que presenta clima templado y una vegetación de pino encino, así como una orografía accidentada con pendientes pronunciadas.

Dentro del municipio de San Pedro Sosoltepec la especie se ubicó sólo en tres sitios, incluida la localidad tipo, denominados Sp1, Sp2 y Sp3 (Fig. 1). Cada sitio se encuentra separado uno de otro por una distancia de entre 0.5 km a 2 km. Dada la baja abundancia de individuos, se estableció sólo una parcela de 150 m × 150 m en cada sitio, en la que se midió el diámetro a la altura del pecho (DAP) y altura de los individuos ahí presentes, además de georreferenciarlos con un GPS Mobile Mapper CX (Ashtech LLC).

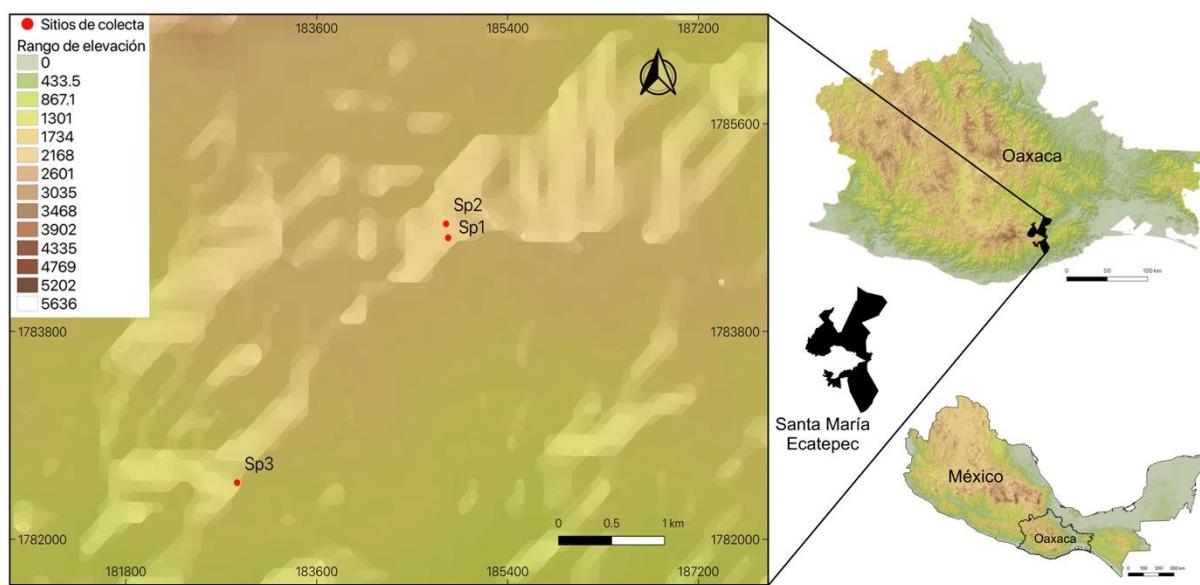


FIGURA 1. Modelo digital de elevación de los sitios de muestreo Sp1, Sp2 y Sp3 en San Pedro Sosoltepec, Sierra Sur Oaxaca.

Los individuos muestreados en los tres sitios se agruparon en cinco clases de tamaño de acuerdo con su DAP: 1) briznal (0 -5) cm; 2) latizal bajo (5.1 – 10) cm; 3) latizal alto (10.1 – 20) cm; 4) fustal bajo (20.1 – 40) cm y 5) fustal alto > 40.1 cm. Para evaluar la frecuencia de individuos entre clases de tamaño y sitios se realizó una ANOVA Kruskall-Wallis en rangos y prueba múltiple de contraste de Tukey usando el programa XLSTAT v2014.

Identificación

Cada individuo se identificó en el Herbario de la Facultad de Ciencias UNAM, por la Dra. Susana Valencia Ávalos y dos ejemplares fueron donados al Herbario de la Facultad de Estudios Superiores Iztacala UNAM con número de registro 42572.

Genética

Extracción de ADN y amplificación de microsatélites. Para este análisis se seleccionaron los sitios Sp1 y Sp2, ya que en Sp3 sólo se encontraron cinco individuos. De estos sitios se seleccionaron para el análisis 47 y 25 individuos, respectivamente. Las diferencias en el número de individuos analizados se debieron a que en el sitio SP2, no fue posible muestrear algunos individuos, debido a que no fueron accesibles. Los individuos muestreados de Sp1 representaron 100% de la población, mientras que en Sp2 fue 40% del total de los individuos. De los individuos seleccionados se recolectaron hojas frescas, las cuales se almacenaron a -80 °C para su análisis posterior. Se extrajo ADN nuclear de 68 individuos por medio de una modificación al protocolo Dneasy Plant Kit Quiagen (Sánchez-Hernández y Gaytán-Oyarzún, 2006). El ADN genómico total aislado se visualizó en geles de agarosa a 0.8% teñidos con bromuro de etidio. La electroforesis se realizó durante 40 min a 110 V. Posteriormente se visualizaron los geles mediante luz ultravioleta en el equipo Multimager TMLight Cabinet (Alpha Innotec Corporation, 1993-2006) y se almacenaron a -20 °C para su posterior análisis.

Se seleccionaron al azar dos individuos de cada sitio de muestreo para ser utilizados como controles de estandarización y se utilizó como control positivo a un individuo de *Q. eduardii*. Se probaron ocho loci, seis de la serie de primers *quru* GA ((Aldrich, Michler, Sun, y Romero-Severson, 2002): *quru* GA 1F02, *quru* GA 1F07, *quru* GA OC11, *quru* GA OC19, *quru* GA OE09 y *quru* GA 2M04 y dos de la serie de primers *ssrQp* ZAG (Steinkellner *et al.*, 1997): *ssrQp* ZAG 119 y *ssrQp* ZAG 15 se utilizaron alícuotas marcadas con flouróforo HEX. Las temperaturas de alineamiento (T°_m) utilizadas están de acuerdo con la referencia original (Aldrich *et al.*, 2002).

La amplificación por medio de PCR se realizó en un volumen final de 25 μ l que contenía por reacción: 10 x buffer de PCR, BSA (0.0001 ug/L), MgCl₂ (4 mMol), DNTP's (4 mMol), Taq DNA polimerasa (1 U), DNA de las muestras (1-0.72 ng) de cada primer en dirección del sentido (F) y el antisentido (R). La amplificación se realizó en un Termociclador Gene Amp PCR System 9700 y el programa de PCR consistió en: 94 °C, durante 3 min, 94 °C 10 s (desnaturalización), Tm °C 10 s (alineamiento), 72 °C por 10 s (extensión) por 30 ciclos y una extensión final a 72 °C por 3 min. Finalmente, los productos de PCR se visualizaron en geles de agarosa a 1.2% a 110V durante 30 min y observado con bromuro de etidio (BrET) por medio de luz UV; se utilizó el marcador de 100pb (Invitrogen).

De los ocho loci probados se seleccionaron los siguientes de la serie *quru* GA: 1F02, 1F07, OC11, OC19 y OE09 por su reproducibilidad, su viabilidad experimental y polimorfismo. Las amplificaciones se realizaron de acuerdo con las condiciones antes mencionadas. Las reacciones de PCR se diluyeron 1:40 v/v, se tomó 1 μ l de la dilución, 9.75 μ l de HiDi Formamide y 0.25 μ l de ROX-500 o Rox400. La mezcla se analizó en un equipo ABI Prism 3700 de Applied Biosystems por el método de análisis de fragmentos. Una vez obtenidos los electroferogramas, se determinó el tamaño de cada fragmento por medio del programa Gene Scan Analyzer de Applied Biosystems. Subsecuentemente se genotipificó a cada uno de los individuos y realizó una matriz básica de datos de tipo codominante para su análisis genético.



Análisis estadístico

Se determinó la cantidad de alelos observados totales (AT) por sitio de muestreo y por locus, se calculó el número promedio de alelos por locus (Ao) y se cuantificaron los alelos exclusivos (E) con el programa TFPGA (Miller, 1997) con 10 000 permutaciones. Además, se estimó la heterocigosis observada (H_o) por medio de la cuantificación directa de individuos heterocigos dividida entre el total de individuos analizados, por locus, por sitio de muestreo y en total de todos los sitios. Así como la diversidad genética que es equivalente a la heterocigosis esperada (H_e) que se evalúo a partir de la sumatoria de las frecuencias obtenidas para cada uno de los alelos bajo el supuesto de equilibrio Hardy-Weimberg; estos índices fueron calculados por el programa TFPGA (Miller, 1997) y ARLEQUIN (Excoffier, Laval, y Schneider, 2007). Se sabe que mientras mayor sea el índice, mayor es el número de alelos con frecuencias similares (Nei, 1978). Se realizó una prueba de chi-cuadrada (X^2) para determinar qué tan diferentes son los valores de H_o con respecto a los H_e y determinar si las poblaciones se encuentran en equilibrio Hardy-Weimberg. El valor crítico se obtuvo con cuatro grados de libertad y un valor de $p=1$ y un alpha=0.05, calculados con el programa XLSTAT v2014.

Posteriormente, para descartar la presencia de clones (individuos con el mismo genotipo) en encinos (Alfonso-Corrado *et al.*, 2004) se usó el software GenoDive (Meirmans y Van Tienderen, 2004). En este análisis el programa identifica si dos individuos presentan genotipos idénticos y para ello asigna una distancia genética denominada umbral. Dicha distancia corresponde a la distancia genética máxima, la cual se compara en genotipos multilocus de dos individuos que tienen la misma probabilidad de compartir el mismo genotipo (Meirmans y Van Tienderen, 2004).

Para conocer la estructura genética de la especie se calcularon los coeficientes de fijación F (F_{ST} , F_{IS} y F_{IT}) de Weir y Cockerham, (1982); también se estimó el flujo génico (Nm) a partir de los valores de F_{ST} con ayuda del programa GENETIX (Belkhir, Borsa, Chikhi, Raufaste, y Bonhomme, 2004).

Finalmente, se obtuvo la estructura genética a escala fina de la población Sp1. De este sitio se contó con 100% de individuos, lo cuales fueron georreferenciados previamente, por lo que fue posible tener ubicado espacialmente el genotipo de cada individuo. Se utilizó el programa Spatial Genetic Software ver 1.0c (Degen, 2002) para el análisis de la estructura espacial basado en la similaridad/dismilaridad del patrón de bandeo de genotipos multilocus. Se estimó la distancia promedio de Tanimoto o distancia genética (l_k), con la que se creó un distograma para una mejor visualización de la estructura genética espacial integrada por 10 clases con rangos de distancias geográficas de 27.75 m, así como el límite inferior y superior del intervalo de confianza de 99% para cada clase, obtenida con 1000 permutaciones (Deichsel y Trampisch 1985).

RESULTADOS

Abundancia y distribución

Se encontró que *Q. mulleri* presentó una distribución restringida y fragmentada al municipio de San Pedro Sosoltepec, conformada por poblaciones con baja frecuencia de individuos en todas las clases de tamaño (Fig. 2). El número de individuos censados en SP1, SP2 y SP3 fue 47, 63 y 5 individuos, respectivamente. Se encontraron diferencias significativas en la abundancia de individuos entre sitios ($H = 11.27$, $p < 0.001$), mientras que a nivel de sitio SP1 y SP2 mostraron diferencias significativas entre categorías de tamaño ($p < 0.01$); el primer sitio mostró una mayor cantidad de juveniles, mientras que el segundo tuvo más adultos (Fig. 2). A pesar de hacer una extensa búsqueda en el área de estudio de SP3, solo se registraron cinco individuos (un brizal, un latizal bajo y tres individuos de la clase fustal alto).

Genética

De los ocho loci analizados, solo cinco loci de la serie *guru* GA (1F02, 1F07, OC11, OC19 y OE09) fueron polimórficos para la especie. *Q. mulleri* y presentó un bajo número de alelos promedio por locus $Ao= 4.4$. La cantidad

total de alelos observados (AT) fue baja y similar entre los loci y entre ambos sitios con 20 y 22 alelos, respectivamente. Se encontró la presencia de alelos exclusivos solo en el sitio Sp2 en los loci quru GA 1F07 y 1F02 (Tabla 1). No se encontró la presencia de clones, ya que cada individuo muestreado de *Q. mulleri* mostró un genotípico único en estos cinco loci de microsatélites.

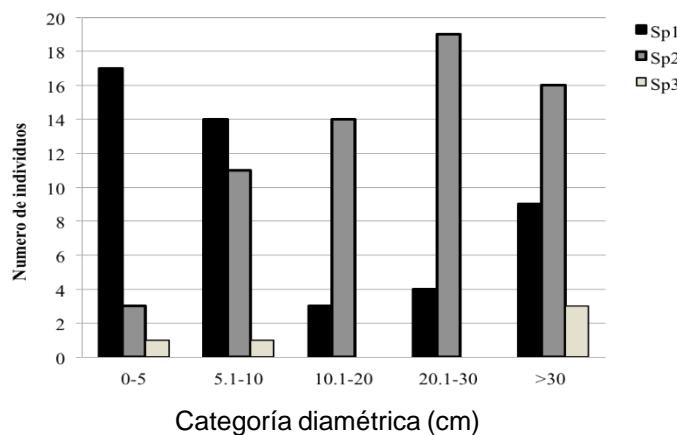


FIGURA 2. Frecuencia de individuos de *Quercus mulleri* por categoría diamétrica en los sitios estudiados de la Sierra Sur, Oaxaca.

La heterocigosis observada total tuvo un valor ($Ho=0.54$) (Tabla 1). Entre los loci, el locus 1F02 presentó el valor más alto de diversidad total ($Ho=0.73$), por el contrario, el que presentó el valor más bajo fue OC11 ($Ho=0.28$). Entre los loci y entre los sitios no se observó una deficiencia de heterocigos, ni de homocigos. Por otro lado, se encontró que las poblaciones se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg al obtenerse en la prueba de X^2 un valor esperado de 0.003, inferior al valor crítico (9.488).

No se encontró una estructura poblacional en los sitios de muestreo, presentando un índice de diferenciación bajo $Fst=0.014$ (Tabla 1) y una tasa de flujo génico alta de $Nm = 17.16$. Adicionalmente, Sp1 mostró que la estructura genética espacial careció de una autocorrelación significativa, es decir que los individuos mostraron una distribución al azar (Fig. 3).

DISCUSIÓN

Un aspecto relevante de este trabajo es que representa el primer reporte de *Quercus mulleri* después de más de 60 años de la clasificación taxonómica realizada por Martínez (1953). En este contexto, la relocalización de la localidad

TABLA 1. Medidas de variabilidad genética [alelos observados totales (AT), número de alelo exclusivos (E), heterocigosis observada (Ho), heterocigosis esperada (He) en las poblaciones muestreadas (Sp1, Sp2) de *Quercus mulleri*, basadas en cinco microsatélites, por locus, por población y totales, e índice de fijación (Fst)

Locus	AT		E		Ho			He			Fst
	Sp1	Sp2	Sp1	Sp2	Sp1	Sp2	Total	Sp1	Sp2	Total	
1F02	3	4	0	1	0.41	0.65	0.73	0.61	0.54	0.73	0.004*
1F07	4	5	0	1	0.47	0.73	0.60	0.62	0.69	0.65	0.022*
OC11	4	4	0	0	0.25	0.32	0.28	0.22	0.31	0.27	0.017*
OC19	4	4	0	0	0.66	0.46	0.56	0.69	0.53	0.59	0.008*
OEO9	5	5	0	0	0.85	0.62	0.53	0.75	0.7	0.57	0.018*
Total	20	22	0	2	0.52±0.23	0.55±0.16	0.54±0.16	0.57±0.21	0.55±0.15	0.56±0.17	0.014*

(*) significativo con $p < 0.05$.

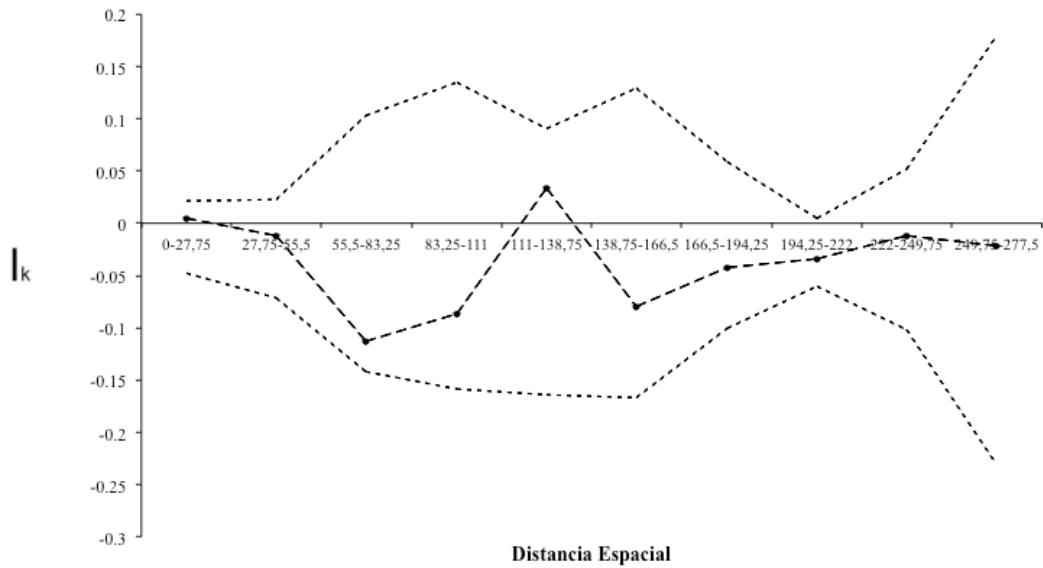


FIGURA 3. Autocorrelación espacial del sitio 1 de *Quercus mulleri*.

La línea sólida representa el coeficiente de correlación obtenido del índice de Moran (I_k) y las líneas discontinuas representan los límites de confianza superior e inferior a 95%.

tipo y la distribución restringida de la especie a la agencia de San Pedro Sosoltepec, Santa María Ecatepec, Oaxaca, derivada de entrevistas a diversos comuneros de comunidades del Distrito de Yautepec (e.g. San Juan Acaltepec, San Matías, Santa María Candelaria, San Pablo Topiltepec) permite clasificarla como una especie micro-endémica, con una distribución menor a 50 000 km² (Meiners-Ochoa y Hernández-López, 2007).

Q. mulleri presenta una distribución geográfica pequeña y fragmentada, con abundancia local reducida, aspectos críticos que la hacen propensa a la extinción como ocurre en otras especies endémicas aisladas y con pequeños tamaños poblacionales (Crawford *et al.*, 2007; Folke *et al.*, 2004; Gitzendanner y Soltis, 2000; Knaepkens, Bervoets, Verheyen, y Eens, 2004; Martínez-Palacios, Eguiarte, y Furnier, 1999; Qiu, Hong, Fu, y Cameron, 2004; Wang, Guo, y Zhao, 2006). Además de que presenta poca

abundancia de individuos en los sitios estudiados, está se ve reducida críticamente por actividades de cambio de uso de suelo (e.g. agricultura y ganadería) y actividades de manejo forestal dentro del área de distribución de la especie, de donde es extraído, de manera similar a como ocurre con otros encinos que reciben escaso valor ecológico y económico (e.g. Rodríguez-Rivera, 2014; Gorgonio-Ramírez, 2015), aspecto que puede generar que las poblaciones de la especie sean más susceptibles a desaparecer.

Los niveles de diversidad alélica y promedio de alelos por locus de los sitios estudiados de *Q. mulleri* ($AT=22$ y $Ao=4.4$), son similares a los hallados para otras especies de encinos con distribución restringida como *Q. miyagui*, especie endémica de las islas de Ryukyu en Japón ($AT=92$ y $Ao=6.1$) (Kawaji *et al.*, 2008), y *Q. macdougallii* ($AT=26$ y $Ao=8.6$), especie endémica de la Sierra de Juárez, Oaxaca

Méjico (Molina-Garay, 2011), pero son comparativamente más bajos que los obtenidos para otras especies de amplia distribución ($AT=$ de 50 a 160 y $Ao=$ de 15.7 a 26.7) (Cottrell et al., 2003; Curtu et al., 2007; Pakkad, Ueno y Yoshimaru, 2008; Rosas-Osorio et al., 2010; Soto et al., 2007; Valbuena-Carabaña et al., 2005). Las diferencias entre los niveles de Ao y AT de estos encinos concuerdan con diversos trabajos realizados en plantas, en los cuales encuentran una fuerte asociación entre el nivel de diversidad alélica y la distribución geográfica. Las especies endémicas contienen niveles mucho menores de diversidad que sus congéneres de amplia distribución (Dodd y Hellenurm, 2002; Gitzendanner y Soltis, 2000; Hamrick y Godt, 1989; Premoli, 1997). Por otro lado, el sitio Sp2 presentó dos alelos exclusivos, que debido a su baja frecuencia en la población son alelos raros. Este tipo de alelos generalmente se presentan en poblaciones pequeñas (Dodd y Hellenurm, 2002) y son de gran importancia, puesto que se pueden perder con gran rapidez por los efectos de la deriva génica (Dodd y Hellenurm, 2002; Maruyama y Fuerst, 1985).

La diversidad genética de la especie en general fue moderada ($H_o=0.55$), si se compara con otras especies del género de amplia distribución como *Q. rubur* ($H_o=0.87$), *Q. petrea* ($H_o=0.75$), *Q. grisea* ($H_o=0.67$) y *Q. Pirenaica* ($H_o=0.75$), que presentan niveles más altos de diversidad genética (Cottrell et al., 2003; Rosas-Osorio et al., 2010; Valbuena-Carabaña et al., 2005). Sin embargo, al compararse con los de una especie endémica como *Q. miyagui* ($H_o= 0.54$) (Kawaji et al., 2008) los valores de heterocigosis son similares. Resultados semejantes fueron observados por Frankham (1997) en plantas vasculares, quien afirma que nueve de cada diez casos de especies endémicas presentan menores niveles de heterocigosis que sus congéneres de amplia distribución. Cabe mencionar que no se encontraron diferencias significativas entre los valores de He y H_o , por lo que se deduce que las poblaciones se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg y que aparentemente no se detectaron procesos de endogamia o deriva génica (Hedrick, 2011).

Por otra parte, el que todos los individuos analizados presentaran un genotipo único, indica que la especie sólo se reproduce vía sexual (bellota) y a diferencia de otras especies del estado de Oaxaca no se reproduce vegetativamente (e.g. Gorgonio-Ramírez, 2015; Anacleto, 2015). Esto puede implicar una desventaja para *Q. mulleri*, dada su baja abundancia, ya que la reproducción clonal permite en encinos una rápida recuperación de la población o la permanencia de los individuos después de ser cortados, vía rebrote (Alfonso-Corraldo, Clark-Tapia, y Mendoza, 2007; Gorgonio-Ramírez, 2015). La baja frecuencia de individuos brinzales vía sexual puede estar relacionada con la baja presencia de individuos adultos, en conjunto con ciclos periódicos de reproducción (mast seeding) y baja disponibilidad de micrositios para germinación documentada en encinos (Alfonso-Corraldo et al., 2004; Sork, Bramble, y Sexton, 1993). A pesar de que los comuneros de San Pedro Sosoltepec perciben baja producción anual de bellotas y años no productivos, será necesario realizar a futuro un estudio que evalúe la capacidad reproductiva de la especie, así como la viabilidad, el porcentaje de germinación y supervivencia de semillas y plántulas para determinar si su baja abundancia es un problema de reproducción y regeneración de la especie o debido a un proceso de cambio del hábitat y el ambiente.

La ausencia de una estructura poblacional en *Q. mulleri* es similar a la encontrada en otras especies de encinos (Kawaji et al., 2008; Molina-Garay, 2011), en las que han obtenido un índice de diferenciación bajo. De igual manera, estos estudios, similares al nuestro han obtenido un flujo genético (Nm) alto. El Nm obtenido en este estudio se puede vincular a la cercanía geográfica y a la ausencia de barreras geográficas entre los sitios de muestreo, sugiriendo que en realidad son una única población fragmentada, con parches bien delimitados. La prueba de X^2 corrobora que los sitios se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg (Wrigth, 2006). Este equilibrio y el alto flujo génico pueden ser resultado del tipo de polinización anemófila (por viento) característico del género *Quercus* (Alfonso-Corraldo et al., 2004; Gorgonio-Ramírez, 2015). El viento promueve la migración del polen a grandes distancias (Kaul, 2006),



factor que puede favorer la heterocigosis y flujo génico entre los sitios de estudio, como lo sugiere Ducouso, Michaud y Lumaret (1993) para el género *Quercus*. Otro factor importante es la dispersión de las semillas por aves, mamíferos o por gravedad (Aronson, J., Pereira, J. S., y Pausas, 2012).

Por otro lado, la ausencia de una estructura genética espacial (EGE) significativa sugiere la existencia en el pasado de una densidad de individuos mayor a la presente, que disminuyó debido a procesos densodependientes, cambios en las características del hábitat (de manera natural y antrópica) y edad de la población, procesos causales de cambio registrados en la EGE (Aldrich, Parker, Ward, y Michler, 2003; McDonald, Peet, y Urban, 2003). Esta afirmación es apoyada por lo encontrado por Epperson (1992) y Jensen, Olrik, Siegismund, y Lowe. (2003) quienes sugieren que la EGE en una población de encinos puede desaparecer debido a competencia interespecífica, así como Ewers y Didham (2006) y Ghazoul (2005), que indican que la fragmentación del hábitat y el disturbio afectan la EGE al interrumpir los procesos ecológicos (*e.g.* polinización, dispersión de semillas y regeneración) de las especies. Al parecer, los procesos de cambio en la región donde se distribuye la especie han afectado no sólo su abundancia, sino también la variación y estructura genética, lo cual debe tomarse en consideración para la conservación de *Q. mulleri*.

En este contexto, el conocimiento del estado actual de las poblaciones de *Q. mulleri*, indican que es una especie que se encuentra en peligro de extinción de acuerdo con el método de evaluación de riesgo de la NOM-059 (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales [SEMARNAT], 2010), debido a su aislamiento geográfico, pequeño tamaño poblacional, bajo número de plántulas y adultos reproductivos y moderado nivel genético. Además, en los sitios de estudio se observó manejo forestal y actividad agrícola de tumba-roza-quema, lo que contribuye a la destrucción y pérdida del hábitat de este encino. Estas circunstancias tienen efectos importantes en el estado de las poblaciones y propician la pérdida de diversidad alélica debido a la extracción de individuos (Alfonso-Corrado *et al.*, 2014; White, Boshier, y Powell, 2002), aspecto que

pueden afectar su adaptación local y ser propenso en el futuro a impactos negativos ocasionados por enfermedades, parásitos o el cambio climático.

CONCLUSIONES

Este estudio hizo una relocalización de la localidad tipo de *Quercus mulleri*, descrita en 1953, y proporciona evidencia de la baja abundancia de individuos y escasa distribución geográfica de la especie, que la describen como una especie microendémica en peligro crítico de extinción. Los datos moleculares indican que la variabilidad genética, en términos de diversidad alélica, fue baja, con heterocigosis moderada, donde los procesos de cambio del ambiente debido a factores naturales y antropogénicos no sólo inciden en la reducción del tamaño poblacional y distribución de la especie, sino que también afectan su variación y estructura genética. Dado el estatus ecológico de la especie, se recomienda su inclusión en la Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010 en la categoría de “En Peligro de Extinción”, además de sugerir la realización de diversos estudios reproductivos que exploren las causas de la baja regeneración. Este tipo de medidas, junto con estrategias que incentiven la participación de los comuneros de San Pedro Sosoltepec, permitirán la protección y correcto manejo de *Q. mulleri* para su conservación.

RECONOCIMIENTOS

A las autoridades de bienes comunales de los municipios de San Pedro Sosoltepec y Santa María Ecatepec por brindar su autorización para la realización del presente trabajo. A los proyectos DGAPA-PAPIIT IN220709 y PAPCA 2011 por su financiamiento. A Salomón Sanabria-Urbán por el apoyo en campo.

REFERENCIAS

- Aldrich, P. R., Michler, C. H., Sun, W., & Romero-Severson, J. (2002). Microsatellite markers for northern red oak (Fagaceae: *Quercus rubra*). *Molecular Ecology Notes*, 2(4), 472-474. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2002.00282.x>
- Aldrich, P. R., Parker, G. R., Ward, J. S., & Michler, C. H. (2003). Spatial dispersion of trees in an old-growth temperate hardwood forest

- over 60 years of succession. *Forest Ecology and Management*, 180(1-3), 475-491. [https://doi.org/10.1016/S0378-1127\(02\)00612-6](https://doi.org/10.1016/S0378-1127(02)00612-6)
- Alfonso-Corrado, C., Clark-Tapia, R., & Mendoza, A. (2007). Demography and management of two clonal oaks: *Quercus eduardii* and *Q. potosina* (Fagaceae) in central México. *Forest Ecology and Management*, 251(3), 129-141. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2006.11.004>
- Alfonso-Corrado, C., Clark-Tapia, R., Monsalvo-Reyes, A., Rosas-Osorio, C., González-Adame, G., Naranjo-Luna, F., Venegas-Barrera, C., & Campos, J. E. (2014). Ecological-Genetic Studies and Conservation of Endemic *Quercus sideroxyla* (Trel.) in Central Mexico. *Natural Resources*, 05(09), 442-453. <https://doi.org/10.4236/nr.2014.59041>
- Alfonso-Corrado, C., Esteban-Jiménez, R., Clark-Tapia, R., Piñero, D., Campos, J. E., & Mendoza, A. (2004). Clonal and genetic structure of two Mexican oaks: *Quercus eduardii* and *Quercus potosina* (Fagaceae). *Evolutionary Ecology*, 18(5-6), 585-599. <https://doi.org/10.1007/s10682-004-5145-5>
- Aronson, J., Pereira, J. S., & Pausas, J. G. (Ed.). (2012). *Cork Oak Woodlands on the Edge: Ecology, Adaptive Management, and Restoration. Restoration Ecology* (Vol. 18). Island press Washington, DC: <https://doi.org/10.1111/j.1526-100x.2010.00701.x>
- Baskauf, C. J., McCauley, D. E., & Eickmeier, W. G. (1994). Genetic analysis of a rare and a widespread species of Echinacea (Asteraceae). *Evolution*, 48(1), 180-188. <https://doi.org/10.2307/2410013>
- Belkhir, K., Borsig, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (2004). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Montpellier, France: Institut des sciences de l'évolution, CNRS UMR 5554, Université de Montpellier II.
- Brook, R. K., & McLachlan, S. M. (2008). Trends and prospects for local knowledge in ecological and conservation research and monitoring. *Biodiversity and Conservation*, 17(14), 3501-3512. <https://doi.org/10.1007/s10531-008-9445-x>
- Bruschi, P., Vendramin, G. G., Bussotti, F., & Grossoni, P. (2000). Morphological and molecular differentiation between *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. and *Quercus pubescens* Willd. (Fagaceae) in Northern and Central Italy. *Annals of Botany*, 85(3), 325-333. <https://doi.org/10.1006/anbo.1999.1046>
- Cottrell, J. E., Munro, R. C., Tabbener, H. E., Milner, A. D., Forrest, G. I., & Lowe, A. J. (2003). Comparison of fine-scale genetic structure using nuclear microsatellites within two British oakwoods differing in population history. *Forest Ecology and Management*, 176(1-3), 287-303. [https://doi.org/10.1016/S0378-1127\(02\)00289-X](https://doi.org/10.1016/S0378-1127(02)00289-X)
- Crawford, D. J., Ruiz, E., Stuessy, T. F., Tepe, E., Aqueveque, P., Gonzalez, F., Jensen, R. J., Anderson G. J., Bernardello, G., Baeza C. M., Swenson, U., & Silva O. M. (2007). Allozyme diversity in endemic flowering plant species of the Juan Fernandez Archipelago, Chile: ecological and historical factors with implications for conservation. *American Journal of Botany*, 88(12), 2195-2203. <https://doi.org/10.2307/3558381>
- Curtu, A. L., Gailing, O., Leinemann, L., & Finkeldey, R. (2007). Genetic variation and differentiation within a natural community of five oak species (*Quercus* spp.). *Plant Biology*, 9(1), 116-126. <https://doi.org/10.1055/s-2006-924542>
- Degen, B. (2002). SGS-Spatial Genetic Software: A Computer Program for Analysis of Spatial Genetic and Phenotypic Structures of Individuals and Populations. *Journal of Heredity*, 92(5), 447-448. <https://doi.org/10.1093/jhered/92.5.447>
- Deichsel, G., & Trampisch, H. J. (1985). *Cluster analysis and discriminant analysis*. Stuttgart, Germany: Gustav Fisher.
- Dodd, S. C., & Helenurm, K. (2002). Genetic diversity in *Delphinium variegatum* (Ranunculaceae): A comparison of two insular endemic subspecies and their widespread mainland relative. *American Journal of Botany*, 89(4), 613-622. <https://doi.org/10.3732/ajb.89.4.613>
- Epperson, B. K. (1992). Spatial structure of genetic variation within populations of forest trees. *New Forests*, 6(1-4), 257-278. <https://doi.org/10.1007/BF00120648>
- Ewers, R. M., & Didham, R. K. (2006). Confounding factors in the detection of species responses to habitat fragmentation. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 81(1), 117-142. <https://doi.org/10.1017/S1464793105006949>
- Excoffier, L., Laval, G., & Schneider, S. (2007). Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary bioinformatics online*, 1, 47-50. <https://doi.org/10.1177/117693430500100003>
- Folke, C., Carpenter, S., Walker, B., Scheffer, M., Elmqvist, T., Gunderson, L., & Holling, C. S. (2004). Regime shifts, resilience, and biodiversity in ecosystem management. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, 35, 557-581. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.35.021103.105711>
- Frankham, R. (1997). Do island populations have less genetic variation than mainland populations? *Heredity*, 78, 311-327. <https://doi.org/10.1038/hdy.1997.46>
- García-Méndez, S. (2014). *Diversidad genética y efecto del cambio climático en la distribución de Quercus potosina (Fagaceae) en Sierra Fría, Aguascalientes: Un enfoque local para su conservación*. Tesis de licenciatura, Universidad de la Sierra Juárez, Oaxaca, México.



- Ghazoul, J. (2005). Pollen and seed dispersal among dispersed plants. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 80(3), 413-443. <https://doi.org/10.1017/S1464793105006731>
- Gitzendanner, M. A., & Soltis, P. S. (2000). Patterns of genetic variation in rare and widespread plant congeners. *American Journal of Botany*, 87(6), 783-792. <https://doi.org/10.2307/2656886>
- Gorgonio-Ramírez, M. (2012). *Variabilidad y estructura genética de Quercus eduardii (Fagaceae) en Sierra Fría, Aguascalientes*. Tesis de licenciatura, Universidad de la Sierra Juárez, Oaxaca, México.
- Gorgonio-Ramírez, M. (2015). *Ecología genética de Quercus crassifolia (Fagaceae) en sitios de manejo forestal y de uso local en Sierra Juárez, Oaxaca*. Tesis de maestría, Universidad de la Sierra Juárez, Oaxaca, México.
- Hamrick, J. L., & Godt, M. J. W. (1989). Allozyme diversity in plant species. En A. H. D. Brown, M. T. Clegg, A. L. Kahler, & B. S. Weir (Eds.), *Plant population genetics, breeding and genetic resources* (pp. 43-63). Sunderland, Mass: Sinauer Press.
- Hedrick, P. W. (2011). *Genetics of Populations*. Jones and Bartlett Publishers, Sudbury, MA.
- Jensen, J. S., Olrik, D. C., Siegismund, H. R. & Lowe A. J. (2003). Population Genetics and Spatial Autocorrelation in an Unmanaged Stand of *Quercus petraea* in Denmark, Scandinavian Journal of Forest Research, 18(4), 295-304. <https://doi.org/10.1080/02827580310005072>
- Jones, M. C., Dye, S. R., Fernandes, J. A., Frölicher, T. L., Pinnegar, J. K., Warren, R., & Cheung, W. W. L. (2013). Predicting the Impact of Climate Change on Threatened Species in UK Waters. *PLoS ONE*, 8(1), e54216. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0054216>
- Kaul, R. B. (2006). Reproductive Morphology of *Quercus* (Fagaceae). *American Journal of Botany*, 72(12), 1962-1977. <https://doi.org/10.2307/2443613>
- Kawaiji, M., Kaneko, S., Tateno, R., Isagi, Y., & Yoneda, T. (2009). Development of microsatellite markers for *Quercus miyagii* Koidz. (Fagaceae), an endemic species in the Ryukyu Islands, Japan. *Conservation Genetics*, 10(4), 1049-1051. <https://doi.org/10.1007/s10592-008-9685-z>
- Knaepkens, G., Bervoets, L., Verheyen, E., & Eens, M. (2004). Relationship between population size and genetic diversity in endangered populations of the European bullhead (*Cottus gobio*): Implications for conservation. *Biological Conservation*, 115(3), 403-410. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(03\)00156-3](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(03)00156-3)
- Martínez-Palacios, A., Eguiarte, L. E., & Fournier, G. R. (1999). Genetic diversity of the endangered endemic *Agave victoriae-reginae* (Agavaceae) in the Chihuahuan Desert. *American Journal of Botany*, 86(8), 1093-1098. <https://doi.org/10.2307/2656971>
- Martínez, M. (1953). Una nueva especie de *Quercus*. *Anales del Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México. Serie Botánica*, 24(1), 51-53. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00770.x>
- Maruyama, T., & Fuerst, P. A. (1985). Population bottlenecks and nonequilibrium models in population genetics. II. Number of alleles in a small population that was formed by a recent bottleneck. *Genetics*, 111(3), 675-689.
- McDonald, R. I., Peet, R. K., & Urban, D. L. (2003). Spatial pattern of *Quercus* regeneration limitation and *Acer rubrum* invasion in a Piedmont forest. *Journal of Vegetation Science*, 14(3), 441-450. <https://doi.org/10.1111/j.1654-1103.2003.tb02170.x>
- Meiners Ochoa, M., & Hernández-López, L. (2007). Únicamente en México especies endémicas y las plantas de Jalisco. *Biodiversitas*, 71, 16-19.
- Meirmans, P. G., & Van Tienderen, P. H. (2004). GENOTYPE and GENODIVE: two programs for the analysis of genetic diversity of asexual organisms. *Molecular Ecology Notes*, 4(4), 792-794. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00770.x>
- Miller, M. P. (1997). Tools for Population Genetic Analysis (TFPGA) 1.3: a Windows Program for the Analysis of *Elysium* and Molecular Population Genetic Data. Department of Biological Sciences, Northern Arizona University, USA.
- Molina-Garay, C. (2011). *Diversidad genética y estructura poblacional de Q. macdougalii (Fagaceae) encino endémico de la Sierra Norte Oaxaca México*. Tesis de licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.
- Murcia, C. (1995). Edge effects in fragmented forests: implications for conservation. *Trends in ecology and evolution*, 10(2), 58-62. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(00\)88977-6](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(00)88977-6)
- Nei, M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(3), 583-590.
- Oldfield, S., & Eastwood, A. (2007). *The Red List of Oaks*. IUCN. Cambridge. UK: Fauna y Flora International.
- Pakkad, G., Ueno, S., & Yoshimaru, H. (2008). Genetic diversity and differentiation of *Quercus semiserrata* Roxb. in northern Thailand revealed by nuclear and chloroplast microsatellite markers. *Forest Ecology and Management*, 255(3-4), 1067-1077. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2007.10.021>
- Pimm, S. L., & Raven, P. (2000). Biodiversity: extinction by numbers. *Nature*, 403(6772), 843. <https://doi.org/10.1038/35002708>

- Premoli, A. C. (1997). Genetic variation in a geographically restricted and two widespread species of South American Nothofagus. *Journal of Biogeography*, 24, 883-892.
- Qiu, Y.-X., Hong, D.-Y., Fu, C.-X., & Cameron, K. M. (2004). Genetic variation in the endangered and endemic species *Changium smyrnioides* (Apiaceae). *Biochemical Systematics and Ecology*, 32(6), 583-596. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2003.08.004>
- Rabinowitz, D., Cairns, S., & Dillon, T. (1986). Seven forms of rarity and their frequency in the flora of the British Isles. En M. E. Soulé (Ed.), *Conservation Biology: the science of scarcity and diversity* (pp. 182-204). Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates.
- Rosas-Osorio, J. C., Alfonso-Corralo, C., Monsalvo-Reyes, A., Clark-Tapia, R., Lira-Saade, R., & Campos-Contreras, J. (2010). The genetic variability of *Quercus grisea* Liebm. In the Sierra Fría of Aguascalientes, México. *International Oak Journal*, 21, 64-72.
- Sánchez-Hernández, C., & Gaytán-Oyarzún, J. C. (2006). Two mini-preparation protocols to DNA extraction from plants with high polysaccharide and secondary metabolites. *African Journal of Biotechnology*, 5(20).
- Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales [SEMARNAT]. (2010). *Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010: Protección ambiental-especies nativas de México de flora y fauna silvestres: categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio-lista de especies en riesgo*. México: SEMARNAT.
- Sekercioglu, C. H., Schneider, S. H., Fay, J. P., & Loarie, S. R. (2008). Climate change, elevational range shifts, and bird extinctions. *Conservation biology*, 22(1), 140-150. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2007.00852.x>
- Sork, V. L., Bramble, J., & Sexton, O. (1993). Ecology of mast-fruiting in three species of North American deciduous oaks. *Ecology*, 74(2), 528-541. <https://doi.org/10.2307/1939313>
- Soto, A., Lorenzo, Z., & Gil, L. (2007). Differences in fine-scale genetic structure and dispersal in *Quercus ilex* L. and *Q. suber* L.: Consequences for regeneration of mediterranean open woods. *Heredity*, 99(6), 601-607. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6801007>
- Steinkellner, H., Fluch, S., Turetschek, E., Lexer, C., Streiff, R., Kremer, A., Burg K., & Glössl, J. (1997). Identification and characterization of (GA/CT)(n)-microsatellite loci from *Quercus petraea*. *Plant Molecular Biology*, 33(6), 1093-1096. <https://doi.org/10.1023/A:1005736722794>
- Valbuena-Carabaña, M., González-Martínez, S. C., Sork, V. L., Collada, C., Soto, A., Goicoechea, P. G., & Gil, L. (2005). Gene flow and hybridisation in a mixed oak forest (*Quercus pyrenaica* Willd. and *Quercus petraea* (Matts.) Liebl.) in central Spain. *Heredity*, 95(6), 457-465. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800752>
- Valencia, S. A., & Nixon, K. C. (2004). Encinos. En A. J. García, M. Ordóñez, y Briones-Salas (Eds), *Biodiversidad de Oaxaca*. (pp. 219-225). Ciudad de México, México: Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México.
- Wang, L., Guo, J., & Zhao, G. F. (2006). Genetic diversity of the endangered and endemic species *Psathyrostachys huashanica* natural populations using simple sequence repeats (SSRs) markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 34(4), 310-318. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2005.09.009>
- White, G. M., Boshier, D. H., & Powell, W. (2002). Increased pollen flow counteracts fragmentation in a tropical dry forest: An example from *Swietenia humilis* Zuccarini. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(4), 2038-2042. <https://doi.org/10.1073/pnas.042649999>
- Wright, S. (2006). The Interpretation of Population Structure by F-Statistics with Special Regard to Systems of Mating. *Evolution*, 19(3), 395. <https://doi.org/10.2307/2406450>.

Manuscrito recibido el 22 de mayo de 2018

Aceptado el 27 de mayo de 2019

Publicado el 17 de marzo de 2020

Este documento se debe citar como:

Pingarroni, A., Molina-Garay, C., Rosas-Osorio, C., Alfonso-Corralo, C., Clark-Tapia, R., Monsalvo-Reyes, A., & Campos, J. E. (2020) Abundancia y diversidad genética de *Quercus mulleri*, especie microendémica amenazada de Oaxaca. *Madera y Bosques*, 26(1), e2611782. doi: 10.21829/myb.2020.2611782.



Madera y Bosques por Instituto de Ecología, A.C. se distribuye bajo una Licencia Creative Commons Atribución-NoComercialCompartirIgual 4.0 Internacional.