

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/325107695>

Sobre la conservación de *Ateles geoffroyi* (Primates, Atelidae) en El Salvador: consideraciones genéticas para la formación de poblaciones en cautiverio

Article · June 2011

CITATIONS

3

READS

25

1 author:



[Silvio J. Crespin](#)

University of Chile

11 PUBLICATIONS 48 CITATIONS

SEE PROFILE

Some of the authors of this publication are also working on these related projects:



What factors increase ecosystem vulnerability? Assessing threat status of Salvadoran ecosystems [View project](#)



Completing the land-sharing strategy: reaching human-wildlife coexistence through alternative resource management [View project](#)



Nota científica

**SOBRE LA CONSERVACIÓN DE *Ateles geoffroyi* (PRIMATES, ATELIDAE) EN EL SALVADOR:
CONSIDERACIONES GENÉTICAS PARA LA FORMACIÓN DE POBLACIONES EN
CAUTIVERIO**

Silvio J. Crespín^{1*}

¹Escuela de Biología, Universidad de El Salvador. Ciudad Universitaria. Final Av. Héroes y Mártires del 30 de Julio. San Salvador, El Salvador. Dirección actual: Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, P.O. Box 653, Santiago, Chile.

Resumen

Una colección de individuos cautivos se puede utilizar para una variedad de propósitos de conservación, incluyendo la formación de una población en cautiverio, con la intención de mantener una alta variación genética, así como evitar la deriva genética. Se realizó una identificación genotípica de 18 individuos de *Ateles geoffroyi* (Kuhl 1820) en condiciones de cautiverio, utilizando tres loci de microsatélites (loci 1118, 311 y P2BH6), constituyendo el primer estudio de este tipo en El Salvador. Para la amplificación de los microsatélites y la posterior identificación de los genotipos se utilizó ADN nuclear extraído de muestras sanguíneas y de folículo piloso. Aproximadamente el 89% de los individuos se identificó genotípicamente, a pesar de una pérdida de información del 16% en el locus 1118 y del 22% en locus 311 al no producir productos de PCR, probablemente debido a la existencia de mutaciones en la secuencia complementaria al cebador. Se estimó una heterocigosidad esperada promedio alta (H_e) de 0,717, sin embargo, la heterocigosidad observada es significativamente menor ($F = 0,492$). Las pruebas exactas calculadas confirman que la colección de individuos no se encontraría en equilibrio Hardy-Weinberg (EHW) para ninguno de los tres loci estudiados. Basado en lo anterior, una población compuesta por el acervo génico de los individuos muestreados no lograría mantener la diversidad observada si permanece aislada de otras poblaciones, impidiendo su utilización con fines de conservación a largo plazo.

Palabras Clave: *Ateles geoffroyi*, conservación *ex situ*, diversidad genética, microsatélites.

On the conservation of *Ateles geoffroyi* (Primates, Atelidae) in El Salvador: genetic considerations for the establishment of captive populations

Abstract

A collection of captive individuals can be used for a variety of conservation purposes, including the formation of captive populations, with the intention of maintaining a high genetic variation and avoiding genetic drift. Consequently 18 *A. geoffroyi* individuals kept in captivity were genotyped applying three microsatellite loci (loci 1118, 311 and P2BH6), constituting the first study of genetic variation of this species in El Salvador. The amplification of the microsatellite fragments and subsequent identification of the genotypes employed nuclear DNA extracted from blood samples and hair follicles. Approximately 89% of the subjects were genotyped successfully, wherein an allelic dropout of 16% and 22% (loci 1118 and 311, respectively) occurred due probably to the presence of a mutation in the sequence of the flanking region. A high average expected heterozygosity ($H_e = 0.717$) was calculated, however, the observed heterozygosity is significantly less ($F = 0.492$). Computed exact tests confirm the collection of individuals would not be in Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) for any of the three loci studied. Therefore, a population comprised by the gene pool of the individuals sampled would not be able to maintain constant allele frequencies if kept isolated from other populations, impeding its use in long term conservation efforts.

Key words: *Ateles geoffroyi*, *Ex situ* conservation, genetic diversity, microsatellites.

*Autor para correspondencia: silviovrespín@gmail.com

Editor: Sergio A. Balaguera-Reina

Recibido/Received: 13 de septiembre de 2010

Aceptado/Accepted: 2 de junio de 2011

Introducción

El Mono Araña (*Ateles geoffroyi* Kuhl 1820) es la única especie de primate que existe en El Salvador (Rylands *et al.* 2006). A pesar de ello sus poblaciones se encuentran reducidas en número y tamaño, por lo que se piensa que la probabilidad de extinción local es muy alta, habiéndose clasificado en peligro de extinción (Cuarón *et al.* 2008; CITES 2011). Las poblaciones de Mono Araña se han visto amenazadas por varios factores tales como pérdida de hábitat (reducción, deterioro y fragmentación de los bosques) y la cacería furtiva para diversos fines (venta como mascotas, alimento, entre otros). Conjuntamente, la disminución poblacional y la fragmentación traen consigo problemas como la pérdida de la diversidad genética dada por una mayor deriva genética y una mayor probabilidad de depresión endogámica, lo cual podría resultar en una disminución de la adecuación biológica de las poblaciones (Frankham *et al.* 2002).

Tanto la distribución como la abundancia del Mono Araña se han visto afectadas por una drástica disminución de su hábitat (FUSADES 2007), manteniéndose registro de sólo ocho poblaciones remanentes (Morales-Hernández 2003). El reducido tamaño de estas poblaciones podría ser un problema para mantener su diversidad genética a través del tiempo. Es por esto que mantener un acervo génico a través de un grupo de individuos en cautiverio podría ayudar a minimizar la pérdida de diversidad genética a través de un buen plan de manejo, que permita además la recuperación de poblaciones silvestres (IUCN 1987, Frankham *et al.* 2002, Allendorf & Luikart 2007).

Para evitar la desaparición de las poblaciones salvadoreñas de esta especie es imprescindible llevar a cabo medidas de conservación, entre las cuales podría considerarse una caracterización genética de las poblaciones silvestres, un monitoreo de los tamaños poblacionales y una mitigación de sus amenazas. Es en estas condiciones en que toman fuerza prácticas alternativas de conservación *ex situ* que ayuden a evitar la pérdida de posibles unidades evolutivamente significativas (De Salle & Amato 2004). Con este fin se ha planteado la posibilidad de mantener a través del tiempo una población en

condiciones de cautiverio con una alta diversidad genética que permita la introducción de individuos al estado silvestre, aumentando tanto el tamaño como la diversidad genética de las poblaciones silvestres.

El presente estudio se realizó con el objetivo de estimar el potencial del uso de un grupo de individuos decomisados por el Ministerio de Medio Ambiente y Recursos Naturales (MARN) en términos de su diversidad genética *ex situ* como base para el establecimiento de un plan de conservación y recuperación para las poblaciones silvestres del país.

Materiales y Métodos

Área de estudio

Se estudiaron 18 Monos Araña en condiciones de cautiverio de tres localidades distintas en El Salvador (Tabla 1), obteniéndose muestras de ADN a partir de bulbo de pelos y de sangre bajo el permiso de investigación del MARN (Ministerio de Medio Ambiente y Recursos Naturales de El Salvador) y permiso de transporte internacional de CITES. Los lugares de muestreo son centros de rescate privados donde animales decomisados en estado de cautiverio ilegal se colocan por medio de los protocolos establecidos por el MARN y ejecutados por la División de Medio Ambiente de la Policía Nacional Civil. Estos centros y sus respectivos números de individuos fueron el Parque Recreativo Montegrande, San Miguel (ocho individuos); LaGeo – Central Geotérmica de Berlín, Usulután (cuatro individuos) y la Finca San Ernesto, La Libertad (seis individuos). Es importante hacer notar que se desconoce la naturaleza de las muestras, la cual consiste en una colección de individuos separados, probablemente sin relación filial o reproductiva, por lo que la muestra, como un todo, no es representativa de ninguna población natural directamente, dado que los individuos fueron extraídos de su hábitat natural a través de la caza y venta ilegal.

Metodología

Muestreos biológicos

Para el muestreo se utilizó una dosis de 0,1 cm³ de Aspirina® como agente anti-inflamatorio y 0,5 cm³ de clorhidrato de Ketamina como agente anestésico, por medio de cerbatana.

La extracción de las muestras de sangre fue de un volumen de 3 cm³ por cada individuo. Para preservar las muestras sanguíneas se utilizaron tubos de vidrio Vacutainer™ conteniendo K3 EDTA en el interior del tubo como agente anticoagulante, con tapa de seguridad HEMOGARD™ y tapón siliconado hemorepelente. Las muestras sanguíneas se almacenaron en un congelador con temperatura estimada entre -18°C y -20°C hasta el momento de su transporte al Laboratorio de Genética de la Escuela de Biología de la Universidad de Costa Rica, en donde fueron analizadas.

Tabla 1. Número de Identificación (ID), género y localidad de colecta para los 18 individuos de *Ateles geoffroyi* muestreados en este estudio.

ID	Género	Lugar
AG1	♂	P. R. Montegrande, San Miguel
AG2	♂	P. R. Montegrande, San Miguel
AG3	♀	P. R. Montegrande, San Miguel
AG4	♀	P. R. Montegrande, San Miguel
AG5	♂	P. R. Montegrande, San Miguel
AG6	♀	P. R. Montegrande, San Miguel
AG7	♀	P. R. Montegrande, San Miguel
AG8	♂	P. R. Montegrande, San Miguel
AG9	♀	LaGeo – C. G.de Berlín, Usulután
AG10	♂	LaGeo – C. G.de Berlín, Usulután
AG11	♀	LaGeo – C. G.de Berlín, Usulután
AG12	♀	LaGeo – C. G.de Berlín, Usulután
AG13	♂	Finca San Ernesto, La Libertad
AG14	♀	Finca San Ernesto, La Libertad
AG15	♂	Finca San Ernesto, La Libertad
AG16	♀	Finca San Ernesto, La Libertad
AG17	♂	Finca San Ernesto, La Libertad
AG18	♀	Finca San Ernesto, La Libertad

P.R.= Parque Recreativo – C.G.= Central Geotérmica

Técnicas moleculares

Extracción y amplificación de ADN: Para extraer ADN a partir de sangre se centrifugaron 300 µl de sangre y 900 µl de H₂O entre tres a cuatro minutos, posteriormente se eliminó el sobrenadante para luego rehidratar la solución y proseguir con el protocolo modificado de Wizard® Genomic DNA Purification Kit. Por otra parte, la extracción de ADN a partir de la raíz de los pelos se realizó mediante la resina Chelex-100, resina de carga negativa que después de lisis celular se une a los cationes de metal, incluyendo iones de magnesio (cofactor esencial de enzimas que hidrolizan el ADN), permitiendo la

Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). Al mismo tiempo se añadió Proteinasa K (rompe enlaces proteínicos) a la solución, seguida de una incubación a 56°C durante siete horas. Posteriormente se llevó a punto de ebullición (desactivando la Proteinasa K) y se utilizó el sobrenadante para la PCR.

El genotipo de los 18 individuos fue determinado utilizando tres loci microsatelitales, dos con motivos de repetición dinucleótidos y trinucleótidos (loci 1118 y 311, respectivamente) identificados en Monos Lanudos (*Lagothrix lagotricha*: Di Fiore & Fleischer 2004) y un locus con motivo de repetición dinucleótido (locus P2BH6) identificado en el Mono Titi León Dorado (*Leontopithecus rosalia*: Daudt-Grativol *et al.* 2001). Las condiciones para la PCR fueron modificadas a partir de las utilizadas en Di Fiore & Fleischer (2004) cambiando la cantidad y concentración de MgCl₂. La amplificación se realizó mediante el uso de los siguientes cebadores 5'→3': el locus 1118 se amplificó usando los cebadores Ascendente - TTTCTCCCTCTCAGATTACCAG, Reverso - CCTTGAG-GTTTTGGGTCC; el locus 311 con los cebadores Ascendente - CTCCGAAAGCCATTCTCC, Reverso - TTAATGCCAGATGATTTGG; y para el locus P2BH6 los cebadores Ascendente - TCTGTTGAATCCCCAGTCC, Reverso - GCAGTCCCTCAAGGTTTCT.

Las reacciones (volumen total de 25 µl) de PCR consistían en 50 µg del ADN extraído, 2,5 µl de buffer (10x Promega™ PCR buffer), 1,5 µl MgCl₂ (2,0 mM) 2,0 dNTPs (10 mM, 2,5 mM cada dNTP), 2,4 µl de cebadores (1,2 de cada uno a 10mM), y 0,065 U de Promega ADN™ Polimerasa Taq más H₂O hasta alcanzar el volumen final. Todas las amplificaciones iniciaron con la desnaturalización de 15 min a 95°C, seguido de 35 ciclos de 94°C durante 30 s, con una temperatura de anillamiento de 55°C durante 1 min y 30 s, y luego 1 min a 72°C (modificado de Di Fiore & Fleischer 2004); con una extensión final de 60°C por 10 min, seguido por una disminución de temperatura hasta 22°C.

La determinación del genotipo de los individuos se llevó a cabo estimando el tamaño de los alelos por medio de electroforesis capilar en un Analizador Genético ABI PRISM® 310 usando cebadores ascendentes fluorocromados detectando la

fluorescencia emitida y comparándola con el marcador estándar de peso molecular ROX™ de Applied Biosystems.

Para determinar la longitud exacta de los fragmentos amplificados en pares de bases se utilizó el programa Peak Scanner™, el cual se encargó de crear electroferogramas para cada muestra. Una vez asignados en forma automatizada los tamaños en pares de bases de cada muestra, se realizó la interpretación manual de los electroferogramas para determinar el genotipo.

Análisis de datos

Se determinó el número de alelos presentes en cada locus y el número de genotipos distintos observados y esperados. La variación genética se calculó empleando la aplicación GenAlEx 6.0© (Peakall & Smouse 2006) de Microsoft Excel. Se estimó la heterocigosidad esperada (H_e) y se calculó la heterocigosidad observada (H_o), el número de alelos efectivos (A_e) y el índice de fijación (F). Con el fin de establecer la estabilidad genética de la futura población formada por la colección de individuos muestreados, se computó la desviación del Equilibrio Hardy-Weinberg (EHW) utilizando la prueba exacta de Fisher (1935) con un nivel de significancia determinado por el método de las cadenas de Markov (MC) usando el paquete de genética de poblaciones GENEPOP 4.0© (Raymond & Rousset 1995).

Resultados

Genotipos observados

Se identificaron los genotipos de 18 individuos de *A. geoffroyi*. Se obtuvo un nivel de identificación del 89%, siendo posible diferenciar la mayoría de los individuos entre sí, a excepción de dos (AG01 y

AG14), los cuales, sin embargo, pueden ser diferenciados por sexo (Tabla 1). Se presentaron deficiencias en la amplificación del 16% y 22% para los loci 1118 y 311, respectivamente, en donde siete de las 18 muestras no amplificaron para un locus (tres y cuatro muestras para los loci 1118 y 311, respectivamente; Tabla 2). Esto confiere una colección de genotipos únicos de 16 individuos para este grupo.

En total se logró observar un tercio de los genotipos, promediando 10,33 genotipos distintos observados entre un promedio de 30,33 genotipos posibles entre los tres loci (Tabla 3), detectándose una clara sobreabundancia de genotipos homocigóticos y una deficiencia de heterocigotos (Tabla 4).

Tabla 2. Genotipos identificados en los tres loci de microsatélites estudiados de la colección de individuos de *Ateles geoffroyi* muestreados.

Muestra	Locus 1118		Locus 311		Locus P2BH6	
AG1	0	0	190	190	114	114
AG2	147	147	0	0	106	124
AG3	0	0	193	193	108	114
AG4	125	125	0	0	110	110
AG5	145	153	0	0	114	114
AG6	125	153	190	190	124	124
AG7	125	153	193	193	104	122
AG8	131	131	190	236	104	112
AG9	147	147	190	190	114	122
AG10	125	131	190	190	120	124
AG11	145	151	195	195	112	112
AG12	159	159	190	190	104	124
AG13	153	153	193	193	114	114
AG14	0	0	190	190	114	114
AG15	125	155	190	190	104	120
AG16	131	147	190	190	120	122
AG17	145	147	190	190	104	114
AG18	151	151	0	0	104	114

Tabla 3. Parámetros comparables entre los loci 1118, 311 y P2BH6.

Locus	N	A	Ae	GDO	GDP	Ho	He	F	p
Locus 1118	15	8,000	6,618	13	36	0,533	0,849	0,372	0,0107
Locus 311	14	4,000	1,950	4	10	0,071	0,487	0,853	<<0,0001
Locus P2BH6	18	9,000	5,445	14	45	0,611	0,816	0,251	0,0293
Promedio	15,667	7,000	4,671	10,333	30,333	0,405	0,717	0,492	

Tamaño de la muestra (N); Número de Alelos (A); Número de Alelos Efectivos (Ae); Número de genotipos distintos observados (GDO); Número de genotipos distintos posibles (GDP); Heterocigosidad Observada (Ho); Heterocigosidad Esperada (He); Índice de Fijación (F); Significancia de las desviaciones al EHW (p).

Tabla 4. Número de homocigotos y heterocigotos observados y esperados.

Valores	Locus 1118		Locus 311		Locus P2BH6		Total	
	Hom.	Het.	Hom.	Het.	Hom.	Het.	Hom.	Het.
Observados	7	8	13	1	7	11	27	20
Esperados	2,27	12,73	7,16	6,84	3,31	14,7	12,74	34,27

Variación genética

El número de alelos observados para los loci 1118, 311 y P2BH6 fueron 8, 4 y 9, respectivamente (promedio 7), entre los cuales los alelos más comunes encontrados son los siguientes: los alelos 125 y 147 para el locus 1118 en donde ambos presentan una frecuencia de 0,2; el alelo 190 para el locus 311 con una frecuencia de 0,68; y el alelo 114 para el locus P2BH6 que presenta una frecuencia de 0,33 (Tabla 5).

Se estimó una H_o de 0,533; 0,071; y 0,611 para los loci 1118, 311 y P2BH6, respectivamente; con un promedio de 0,405. Se calculó una H_e de 0,849; 0,487; y 0,816 para estos tres loci, y un F promedio de 0,492 (0,372; 0,853; y 0,251), y un A_e de 6,618; 1,950; y 5,445, evidenciando una alta homocigosidad. Los tres loci mostraron una desviación significativa a lo esperado en EHW (Test exacto de Fisher: $p = 0,0107$; 0,000; y 0,0293, respectivamente; Tabla 3). Especialmente destacable es el exceso de homocigotos en el locus 311 en relación a lo esperado (Tabla 4).

Discusión

Se observó una falta de amplificación en ciertas muestras para los loci 1118 y 311, lo que se puede deber a la presencia de alelos nulos de PCR que pueden estar presentes en algunos loci de microsatélites truncando la unión del cebador (Brookfield 1996, Dakin & Avise 2004, Hedrick 2005, Allendorf & Luikart 2007). Esto podría explicar el exceso de homocigotos observados en relación con el número esperado en el supuesto caso que la muestra estuviera en EHW. Sin embargo, en el presente caso, y como era de esperarse, debido a que los individuos muestreados probablemente provienen de poblaciones pequeñas y aisladas, la causa más probable es el efecto Wahlund (Wahlund 1928), causando un aumento en el efecto de la deriva genética en cada subpoblación y por ende

incrementando la frecuencia de distintos alelos en cada población fijándolos en homocigosis.

Tabla 5. Conteo alélico y número total de alelos observado.

Locus (N;Na*)	n/Alelo	Contados	Fr
Locus 1118 (15;30)	125	6	0,200
	131	4	0,133
	145	3	0,100
	147	6	0,200
	151	3	0,100
	153	5	0,167
	155	1	0,033
	159	2	0,067
Locus 311 (14;28)	190	19	0,679
	193	6	0,214
	195	2	0,071
	236	1	0,036
Locus P2BH6 (18;36)	104	6	0,167
	106	1	0,028
	108	1	0,028
	110	2	0,056
	112	3	0,083
	114	12	0,333
	120	3	0,083
	122	3	0,083
124	5	0,139	

* = número total de alelos observados (conteo alélico) para un locus determinado.

Variación genética de los loci aplicados

Es importante destacar que en el presente estudio se observó un promedio de siete alelos por locus al utilizar tres loci microsatelitales, mientras que Ruiz-García *et al.* (2007) obtuvieron promedios de 4,666 en 84 individuos de *Alouatta palliata*, 5,250 en 48 individuos de *Alouatta seniculus*, 3,571 en siete individuos de *Alouatta macconnelli* y 3,142 en 20 individuos de *Alouatta caraya* al utilizar nueve microsatélites distintos a los aplicados en el presente estudio. Una comparación más directa es con el trabajo de Di Fiore & Fleischer (2004) con 66 individuos de *Lagothrix lagotricha*, en donde identificaron los loci 1118 y 311 y obtuvieron 17 y cinco como número total de alelos, respectivamente.

Según lo expuesto por Frankham *et al.* (2002), se calculó que para especies no amenazadas, la heterocigosidad a menudo se encuentra entre 0,62 y 0,79 con un H promedio de 0,71, mientras que para especies amenazadas, la heterocigosidad oscila entre 0,20 y 0,62 promediando un H de 0,42, por lo que la heterocigosidad esperada encontrada para esta investigación en general indica que la colección de individuos presenta una variación genética alta dado su estado de conservación, donde H_e para los loci individuales 1118, 311 y P2BH6 es 0,849; 0,487; y 0,816, respectivamente, con un promedio de 0,717; congruente con el A_e observado (Tabla 3). La H_e calculada en el presente estudio coincide con el promedio calculado a partir de Frankham *et al.* (2002) para especies no amenazadas, lo que resulta contradictorio al considerar que *A. geoffroyi* se encuentra amenazada con peligro de extinción y los resultados obtenidos muestran una variación genética más alta del rango esperado según trabajos anteriores para especies amenazadas con peligro de extinción. Esto puede entenderse si, hasta hace relativamente poco, las poblaciones de *A. geoffroyi* en El Salvador tuvieron números efectivos elevados y no ha sido hasta tiempos recientes que el tamaño demográfico de las mismas ha disminuido notablemente, no habiendo transcurrido suficiente tiempo para reflejarse en su diversidad genética. Por otro lado, estos altos niveles de diversidad también pueden ser explicados por el distinto origen de los individuos, los cuales probablemente provienen de distintas poblaciones. Esta hipótesis supone entonces que las poblaciones de Mono Araña se han diferenciado genéticamente a través del tiempo, indicando un aislamiento prolongado entre ellas. Ambas hipótesis pueden ser puestas a prueba a través de un estudio genético de las poblaciones silvestres, permitiendo conocer la historia natural de la especie y permitiendo además tomar decisiones que permitan conservar sus poblaciones.

A pesar de la alta diversidad genética, al calcular el índice de fijación se observa una clara deficiencia de heterocigotos, lo que nuevamente puede indicar la presencia de alelos nulos no identificados o la existencia del efecto Wahlund (Frankham *et al.* 2002, Hedrick 2005, Allendorf & Luikart 2007).

La prueba exacta de Fisher practicada para evaluar las desviaciones del EHW indica que la colección de individuos en su conjunto no cumple con sus condiciones en ninguno de los tres loci estudiados. Esto es de esperarse debido al distinto origen de los individuos muestreados, ya que estos probablemente provienen de poblaciones y tropas distintas. Frente a esto, resulta más plausible la segunda hipótesis planteada para explicar la gran diversidad detectada.

Consideraciones genéticas para la conservación ex situ

Con base en lo anterior se generan grandes interrogantes debido al desafío que se presenta para lograr uno de los propósitos de la conservación *ex situ*, ser una reserva de diversidad genética, minimizando su pérdida en una población en cautiverio a través del tiempo.

Es claro que la colección de individuos utilizada no constituye una unidad panmítica, es decir, está fundada con una adquisición de individuos de distintos orígenes. Entonces el utilizar el EHW en una colección de individuos destinados a pie de cría como la muestra estudiada, permite afirmar que habrá un cambio en las frecuencias alélicas a partir de las filiales futuras. Aún con las heterocigosidades altas, ciertos alelos se encuentran a frecuencias demasiado bajas como para que se logren mantener estables en una población formada a partir de los individuos muestreados con reproducción al azar a lo largo del tiempo. Es por esto que se recomienda un manejo reproductivo de estos individuos de tal manera que se minimice la pérdida de diversidad a través de un efecto de deriva genética que se vería aumentada en una población de tamaño pequeño.

Realizando cruces dirigidos entre los individuos que presenten los alelos de menor frecuencia, sería posible minimizar la pérdida de diversidad por deriva genética mientras se aumenta el tamaño de la población cautiva, permitiendo obtener individuos con alta variación genética que puedan ayudar a repoblar sitios donde las poblaciones de monos estén diezmadas. En virtud de lo anterior, surge la necesidad de conocer el perfil génico de las poblaciones silvestres, con lo que se posibilitaría inyecciones genéticas en las poblaciones silvestres con el fin de conservar su diversidad genética, al mismo tiempo que aumenta su tamaño.

Habiéndose analizado únicamente tres marcadores microsatelitales, este estudio debe considerarse preliminar, resultando prioritario entonces aumentar el número de marcadores analizados. Evidente es, además, la necesidad de determinar cuál es la causa exacta del significativo exceso de homocigotos detectado y de conocer el perfil genético de las poblaciones silvestres. Sin conocer esto resulta difícil el éxito de iniciar un pie de cría en cautiverio de esta

especie que garantice un resultado óptimo en las posibles reintroducciones de la misma, así como cualquier iniciativa destinada a conservar la diversidad genética de las poblaciones silvestres. Igualmente, es imperativo determinar las relaciones filogenéticas de las poblaciones de *A. geoffroyi* de El Salvador con la de otras poblaciones de otros países de Centroamérica para determinar si un manejo internacional es pertinente.

Agradecimientos

Se agradece al MARN (Ministerio de Medio Ambiente y Recursos Naturales de El Salvador) por otorgar el permiso y facilitar la obtención de las muestras biológicas y a CITES (Convención sobre el comercio Internacional de Especies Amenazadas de Fauna y Flora Silvestres) por extender los permisos requeridos. Al personal del laboratorio donde se realizó el estudio, Laboratorio de Genética de la Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica, a cargo del Dr. Gustavo Gutiérrez-Espeleta, con agradecimiento especial por su asesoramiento técnico; a Mary Blair por su valiosa ayuda en el análisis de las muestras. A David E. Uribe por sus comentarios y sugerencias que ayudaron significativamente a mejorar este manuscrito.

Literatura citada

- Allendorf FW & Luikart G. 2007. Conservation and the Genetics of Populations. Blackwell Publishing, MA, USA. 642 pp.
- Brookfield JK. 1996. A simple new method for estimating null allele frequency from heterozygote deficiency. *Molecular Ecology* 5(3): 453-455.
- CITES. 2011. Appendices I, II and III. Disponible en <<http://www.cites.org/>> Fecha de consulta 9 mayo de 2011.
- Cuaron AD, Morales A, Shedden A, Rodríguez-Luna E & De Grammont PC. 2008. *Ateles geoffroyi*. En IUCN 2010. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2010.4. <www.iucnredlist.org> Fecha de consulta 9 mayo de 2011.
- Dakin EE & Avise JC. 2004. Microsatellite null alleles in parentage analysis. *Heredity* 93: 504-509.
- Daudt-Grativol A, Ballou JD & Fleischer RC. 2001. Microsatellite variation within and among recently fragmented populations of the golden lion tamarin (*Leontopithecus rosalia*). *Conservation Genetics* 2(1): 1-9.
- De Salle R & Amato G. 2004. The expansion of conservation genetics. *Nature Reviews Genetics* 5: 702-712.
- Di Fiore A & Fleischer RC. 2004. Microsatellite markers for woolly monkeys (*Lagothrix lagotricha*) and their amplification in other New World primates (Primates: Platyrrhini). *Molecular Ecology Notes* 4(2): 246-249.
- Fisher RA. 1935. The logic of inductive inference. *Journal of the Royal Statistics Society* 98(1): 39-82.
- Frankham R, Ballou JD & Briscoe DA. 2002. Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, New York, USA.
- FUSADES. 2007. Gobernabilidad ambientales para el desarrollo sostenible de El Salvador: situación, avances y desafíos. FUSADES, El Salvador.
- Hedrick PW. 2005. Genetics of Populations (Third Edition). Jones and Bartlett, Boston, USA.
- IUCN. 1987. The IUCN policy statement on captive breeding. IUCN, Gland, Switzerland. 3 pp.
- Morales-Hernández VK. 2003. Estudio preliminar de la población de *Ateles geoffroyi* "mono araña" en Chaguantique y El Tercio, departamento de Usulután, El Salvador. Tesis de Licenciatura, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad de El Salvador. 70 pp.
- Peakall R & Smouse PE. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6(1): 288-295.
- Raymond M & Rousset F. 1995. Genepop (Version 1.2.): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86(3): 248-249.
- Ruiz-García M, Escobar-Armel P, Álvarez D, Mudry M, Ascunce M, Gutiérrez-Espeleta G & Shostell J. 2007. Genetic variability in four *Alouatta* species measured by means of nine DNA microsatellite

markers: Genetic structure and recent bottlenecks. *Folia Primatologica* 78(2): 73-87.

Rylands AB, Groves CP, Mittermeier RA, Cortés-Ortiz L & Hines JJ. 2006. Taxonomy and distributions of Mesoamerican primates. En: Estrada A, Garber P, Pavelka M & Luecke L (eds). *New Perspectives in the Study of Mesoamerican Primates: Distribution, Ecology, Behavior and Conservation*, pp. 29–79. Springer, New York, USA.

Wahlund S. 1928. Zusammensetzung von populationen und korrelationserscheinungen vom standpunkt der vererbungslehre aus betrachtet. *Hereditas*, 11: 65–106

Citar como: Crespín S. 2011. Sobre la conservación de *Ateles geoffroyi* (Primates, Atelidae) en El Salvador: consideraciones genéticas para la formación de poblaciones en cautiverio. *Revista Latinoamericana de Conservación* 2(1): 30-37