

## TABLA DE CONTENIDO

RESUMEN.....	i
ABSTRACT.....	ii
TABLA DE CONTENIDO.....	iii
LISTA DE TABLAS.....	v
LISTA DE FIGURAS.....	vi
 1. INTRODUCCIÓN.....	 1
2. NTECEDENTES.....	5
2.1 Estudios de estructura genética y flujo génico en corales.....	5
3. HIPÓTESIS.....	9
4. OBJETIVOS .....	9
4.1 Objetivo general.....	9
4.1.1 Objetivos particulares.....	9
5. MATERIALES Y MÉTODOS.....	11
5.1.....	11
5.1.1 Parque Nacional Arrecife de Xcalak .....	11
5.1.2 Arrecife de Mahahual.....	12
5.1.3 Arrecife Boca Paila.....	13
5.1.4 Arrecife Akumal.....	14
5.1.5 Parque Nacional Arrecife Alacranes.....	14
5.2 Diseño de muestreo .....	15
5.2.1 Colecta de muestras .....	15
5.3 Trabajo de laboratorio.....	15
5.3.1 Extracción de DNA.....	15
5.3.2 Reacción en cadena de la Polimerasa (PCR).....	18
5.3.3 Electroforesis en gel de agarosa 1%.....	20
5.3.4.SSCP.....	20
5.3.4.1 Electroforesis en gel de acrilamida.....	21
5.4 Interpretación de los geles.....	22
5.4.1 Análisis de datos.....	22
5.4.2 Análisis estadístico: AMOVA, Distancia Genética de Nei y Prueba de Mantel.....	22
5.4.3 Análisis genético y estadístico de secuencias.....	23
6. RESULTADOS.....	24
6.1 Análisis de la SSCP .....	24
6.1.1 Marcador mitocondrial <i>rns-cox3</i> .....	24
6.1.1.1 Estructura genética: análisis molecular de varianza (AMOVA).....	25
6.1.1.2 Distancias genéticas de Nei.....	26
6.1.1.3 Diversidad genética.....	27

6.1.1.4 Prueba de Mantel.....	28
6.1.2 Marcador nuclear ( <i>Pax-c</i> ).....	28
6.1.2.1 Estructura genética: análisis molecular de varianza (AMOVA).....	29
6.1.2.2 Distancias genéticas de Nei.....	31
6.1.2.3 Diversidad genética.....	31
6.1.2.4 Prueba de Mantel.....	32
6.2 Secuenciación.....	32
7. DISCUSIÓN .....	37
7.1 Marcador mitocondrial <i>ms-cox3</i> .....	37
7.2 Marcador nuclear <i>Pax-c</i> .....	38
7.3 Diferencias entre el marcador nuclear y mitocondrial.....	39
7.4 Secuenciación empleando el marcador nuclear <i>Pax-c</i> .....	41
8. CONCLUSIONES.....	42
9. RECOMENDACIONES.....	43
10. LITERATURA CITADA.....	44

## RESUMEN

*Acropora cervicornis* es uno de los corales más importantes del Caribe, ya que contribuye notablemente a la complejidad topográfica del sustrato; esta especie ha sufrido una disminución en su cobertura en los últimos años; por ello es importante ahondar en investigación sobre conectividad y flujo génico entre sus poblaciones que permita determinar las fuentes larvales de esta especie y tomar acciones para su conservación. En este trabajo se evaluó el flujo genético de cuatro poblaciones de *Acropora cervicornis* del Caribe Mexicano y una de Banco Campeche, mediante las técnicas de SSCP y secuenciación. Se encontró diferenciación genética con los dos marcadores moleculares empleados; aunque los clados resultantes se integraron de diferente manera: por medio del marcador *rns-cox3* se identificaron 3 fragmentos polimórficos que definieron 7 haplotipos. El análisis molecular de varianza indicó que el 16% de la variación se dio entre las poblaciones. El coeficiente de diferenciación genética entre las poblaciones ( $F_{ST}$ ) fue de 0.16, ( $p < 0.0001$ ) lo que indica un alto grado de estructuración genética y flujo genético limitado. Las comparaciones pareadas indicaron que las poblaciones de Alacranes y Boca Paila son diferentes; mientras que Akumal, Mahahual e Xcalak no presentaron diferencias. Con el marcador *Pax-C* se identificaron 6 bandas polimórficas y 15 haplotipos. El 17% de la variación se dio entre las poblaciones. Y el coeficiente de diferenciación genética entre las poblaciones fue de ( $F_{ST}$ ) fue de 0.17, ( $p < 0.0001$ ). Las comparaciones pareadas indicaron diferencias en todas las poblaciones. Con las muestras secuenciadas se detectó una distribución heterogénea de los haplotipos generados a partir de las mutaciones, por lo cual se sugiere que en estudios futuros se incremente el número de muestra en cada sitio para obtener mayor información.