

Análisis genético de las poblaciones de culebra real de California (*Lampropeltis californiae*) en Gran Canaria

Dra. Catalina Monzón Argüello





Control de la especie invasora la culebra real de California
(Lampropeltis californiae) en la isla de Gran Canaria

Control de la especie invasora la culebra real de California (*Lampropeltis californiae*) en la isla de Gran Canaria

¿Cómo fue el origen de las dos poblaciones?

¿Están relacionadas?

¿Cuál es el potencial genético de las poblaciones establecidas?

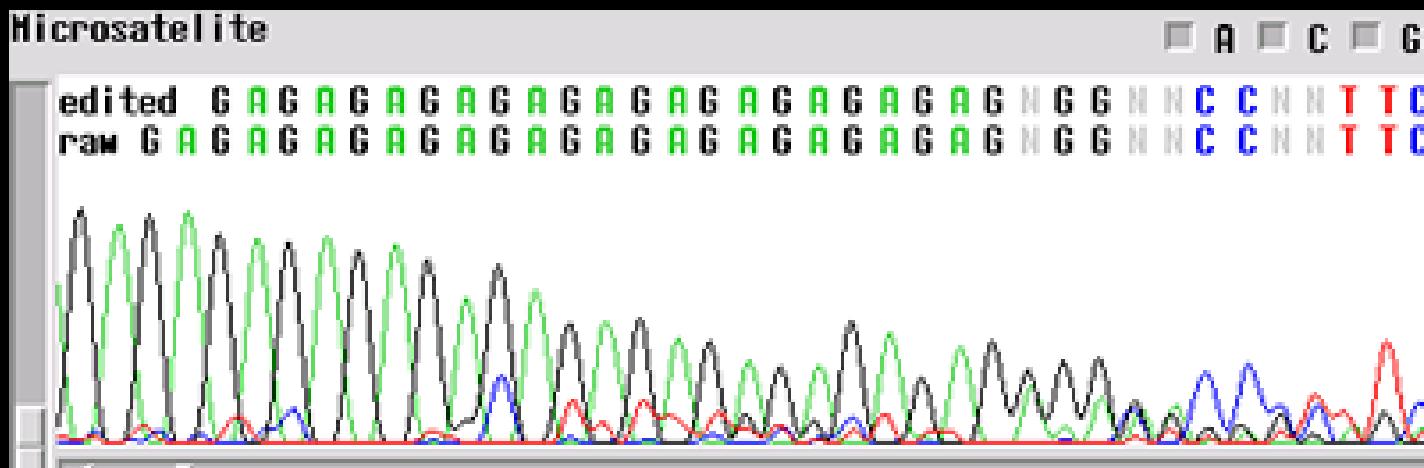
Objetivos

- ❖ Grado de parentesco de los individuos existentes en ambas poblaciones.
- ❖ Variabilidad genética de las dos poblaciones.
- ❖ Diferenciación genética existente entre las dos poblaciones. Capacidad de dispersión de los individuos.
- ❖ Efecto fundador de las poblaciones. Existencia de una única introducción o varias.
- ❖ Tamaño efectivo (N_e) de las dos poblaciones (número de individuos adultos reproductores).

Microsatélites

SSR: 1-6 pb

Marcadores evolutivamente neutrales

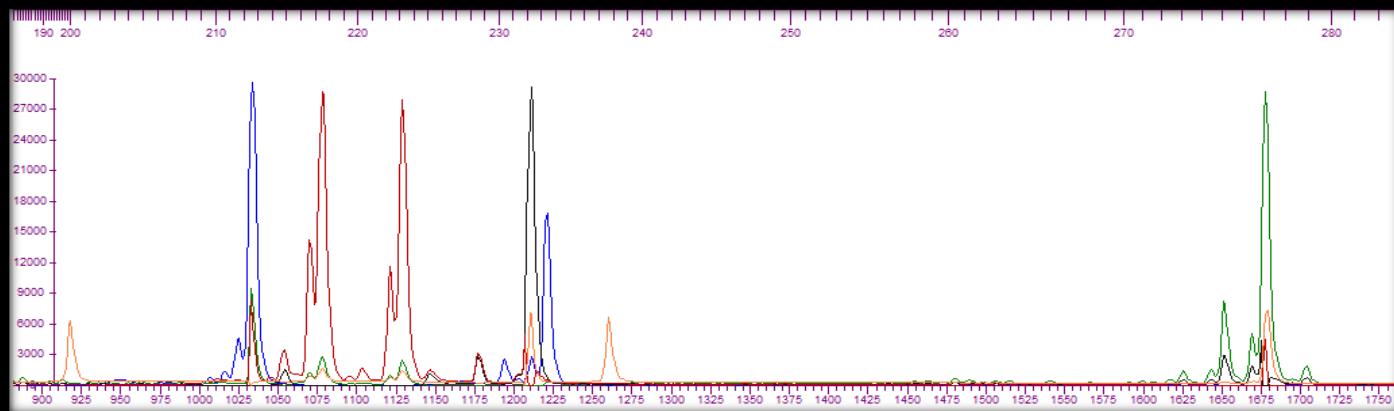


Microsatélites específicos diseñados para *L. californiae*

| Locus | Motivo | Marcaje | Secuencia Forward | Secuencia Reverse | Multiplex |
|---------------------|---------------|----------------|--------------------------|---------------------------|------------------|
| <i>L. getula</i> 6 | AAC | FAM | TGAAGATCTGCTACAACCTTCCC | CGATGAGTCAGACATGACTTTGC | 1 |
| <i>L. getula</i> 16 | TGC | PET | TATGTCGAGGAGCCAAGTCC | TGCATCACTAACCAACGACCC | 1 |
| <i>L. getula</i> 26 | TTCC | NED | AGAGGGAGACCCATTTCAGC | GGGACACCTTGCTAATTCCC | 1 |
| <i>L. getula</i> 3 | ATT | VIC | AGGGTTAGCCACTTAGCAAGG | CATGTACGTTCTGAGAGATGACCC | 2 |
| <i>L. getula</i> 23 | TTCC | FAM | TCTTGCTCTCGTCTGTGGC | CCATGACTTCCTTGGAACCG | 2 |
| <i>L. getula</i> 21 | ATT | PET | GAGGACTACCTCTACCACTTGGC | CACCATCTGAACTTACATTCCCTGC | 2 |
| <i>L. getula</i> 14 | ATC | NED | AGGAAGTCAGAAGCAGGTTGG | GCTCAGGTCTGCTTTAAGAAATGC | 2 |
| <i>L. getula</i> 5 | AGT | VIC | GCAGGATAGACTGAGATGCTCC | CTACCAGGCCAATGAAAGG | 1 |
| <i>L. getula</i> 15 | ATT | NED | CATTAACCCACGTAGTGTGGC | CTGATGGTCTCCATGGTTGC | 2 |
| <i>L. getula</i> 1 | TTC | FAM | TCTGTCTGCACTTCTCAAGC | CATTAACAGTGGTAGCTCTCTGCC | 1 |
| <i>L. getula</i> 2 | ATC | PET | GATGGATGATGGCTACACCG | AAACCATCTCCTCCTCCACG | 1 |
| <i>L. getula</i> 25 | AATG | NED | AAACACCTTGGGACATCGG | TTGCCACACCTTGTAGATTGC | 1 |
| <i>L. getula</i> 9 | TCC | VIC | GGCAATGAGCAAAGTAAGCC | TTGGCTTCTGAGTAAACACGC | 2 |



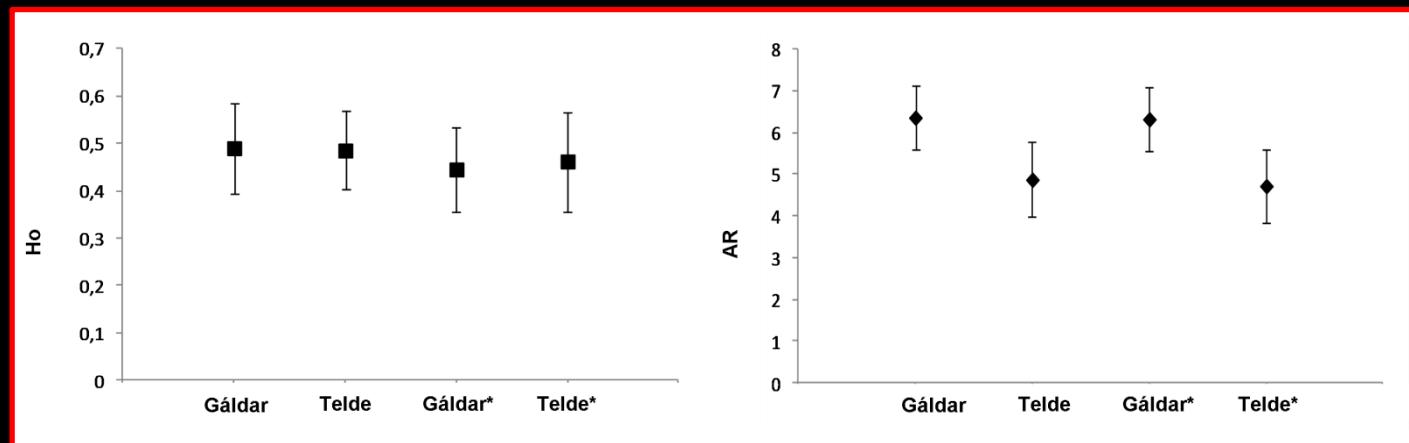
SAVANNAH RIVER ECOLOGY LABORATORY



Amplificación en 30 muestras de Telde y 30 muestras de Gáldar

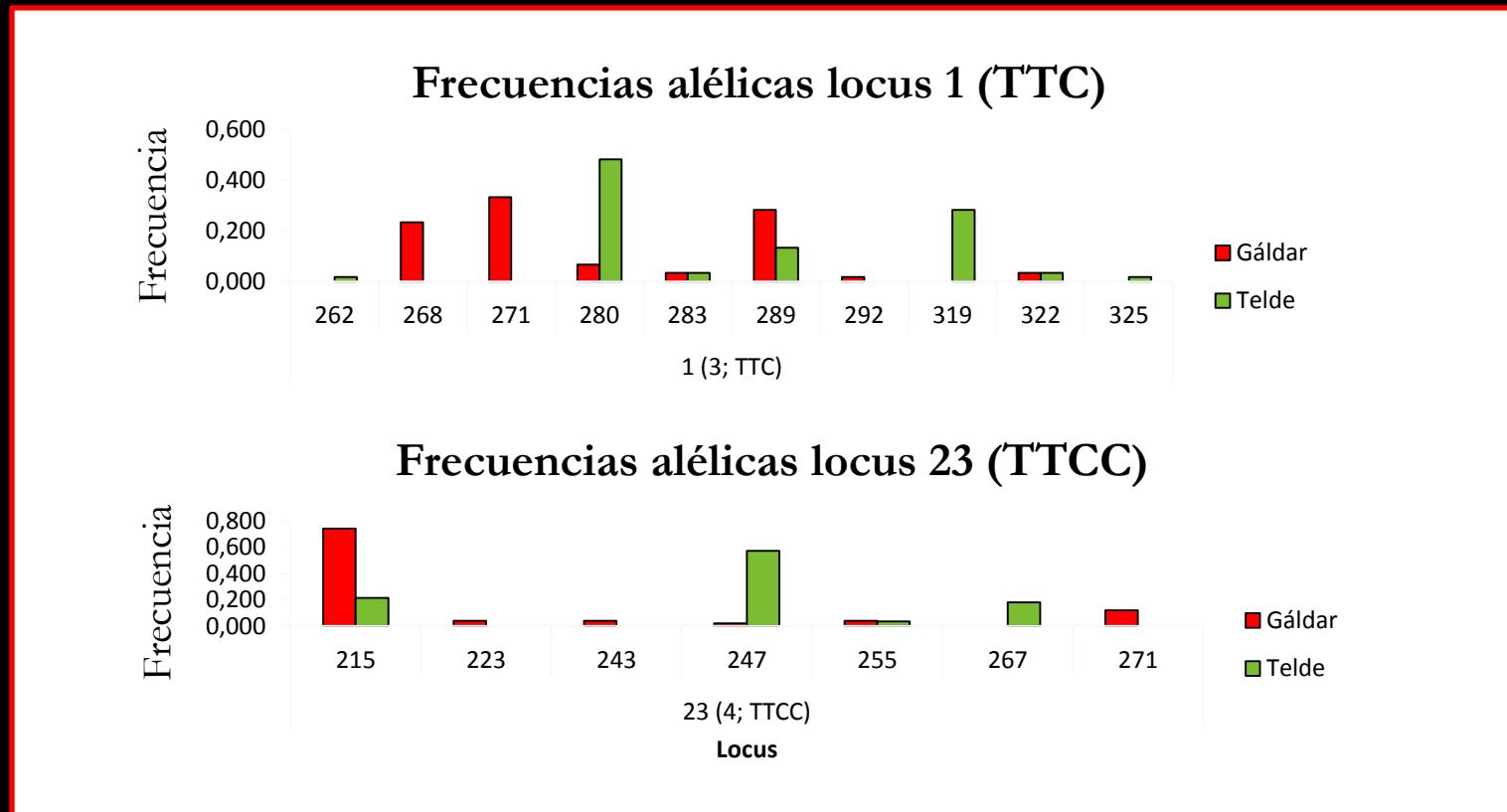
DIVERSIDAD GENÉTICA DE LAS POBLACIONES

- ❖ Índice de parentesco elevado (Telde $r = 0,302$; Gáldar $r = 0,271$).
- ❖ Hermanos completos ($r > 0,5$): 12 y 9 individuos en Telde y Gáldar,.
- ❖ Coeficientes de endogamia elevados : $Fis = 0,245-0,257$ en Telde y Gáldar.
- ❖ Índices de diversidad elevados ($Ho = 0,485-0,490$; $AR = 4,875-6,364$).

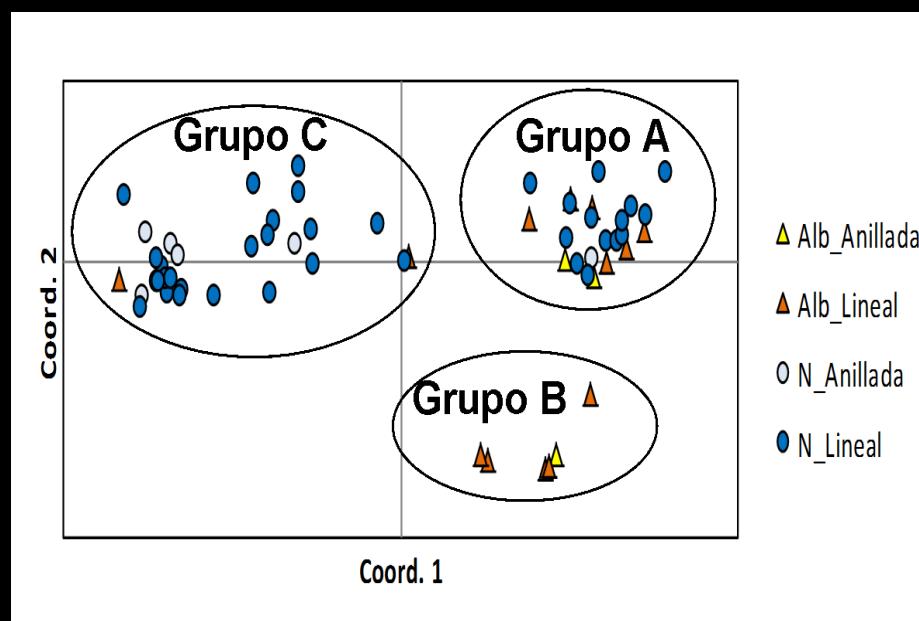
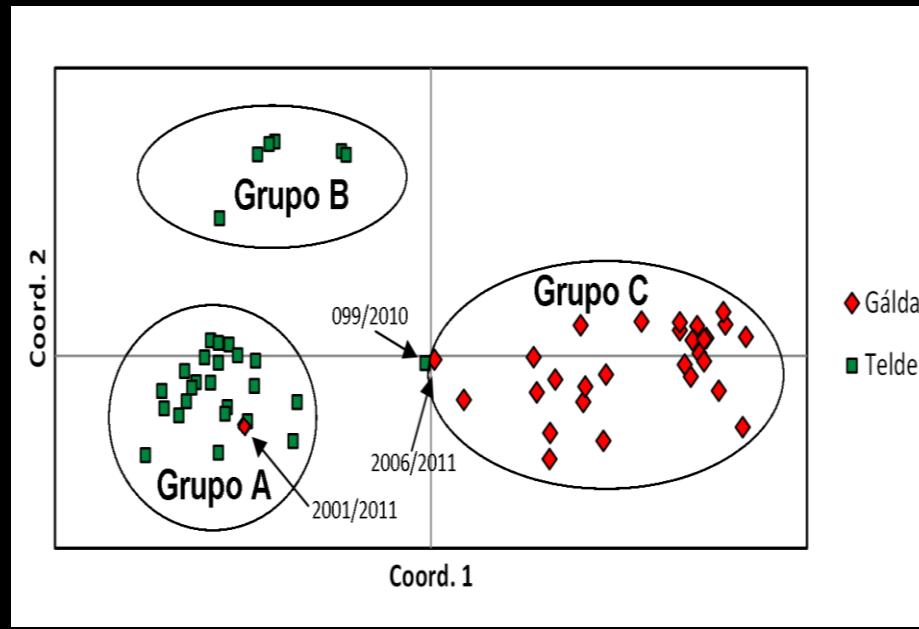


Estructura genética poblacional significativa

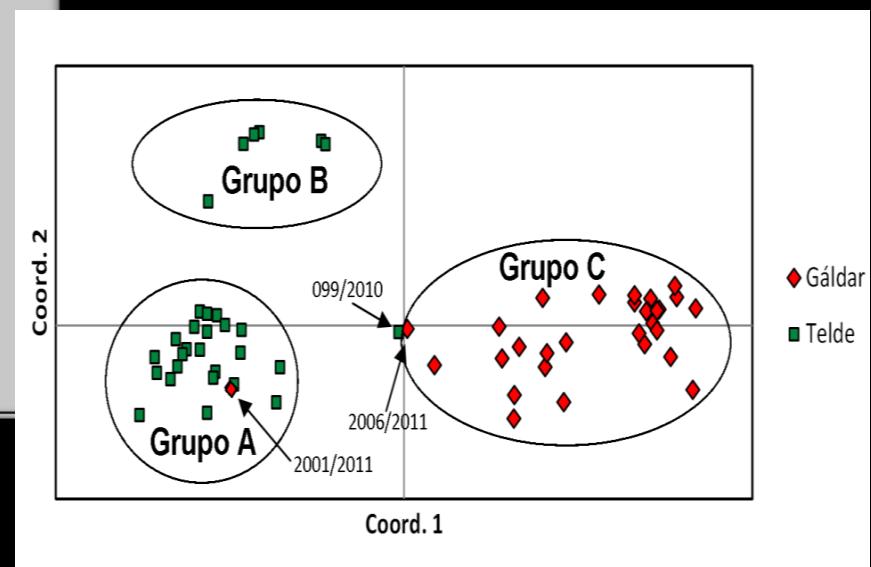
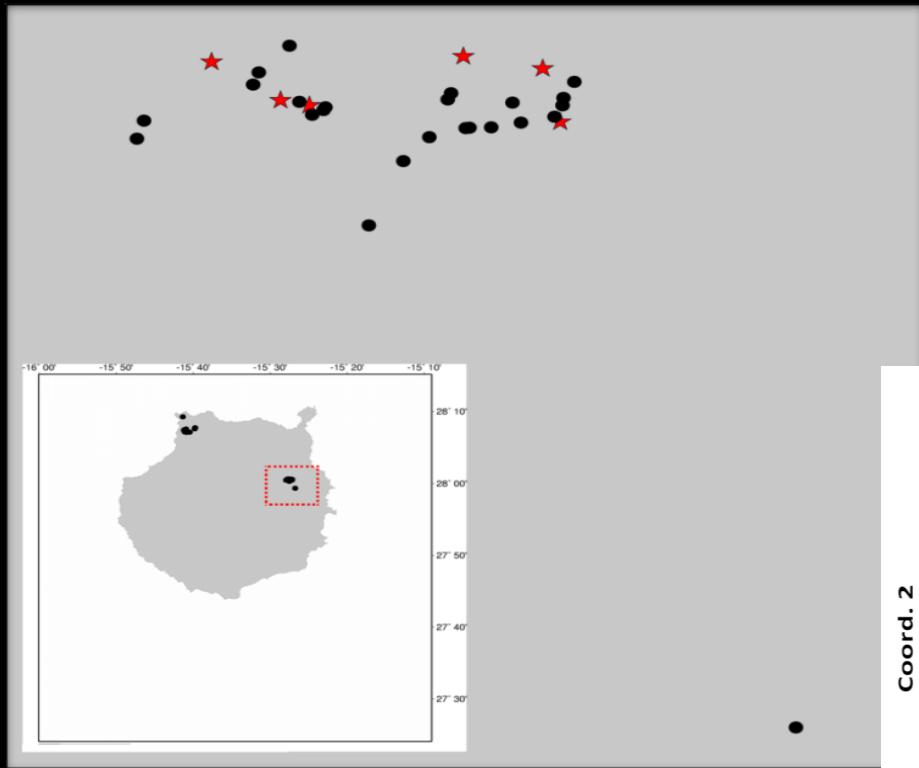
- ❖ $F_{st} = 0,184$ ($p < 0,001$); $D_{est} = 0,341$ para el total de las muestras
- ❖ $F_{st} = 0,129$ ($p < 0,001$); $D_{est} = 0,335$ para el subset de las muestras sin los HC



ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES (LOCALIDAD/PATRÓN)

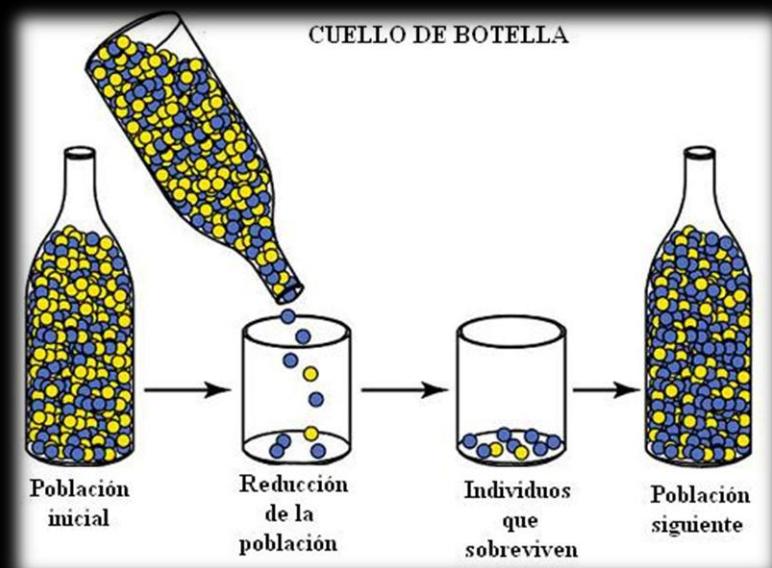
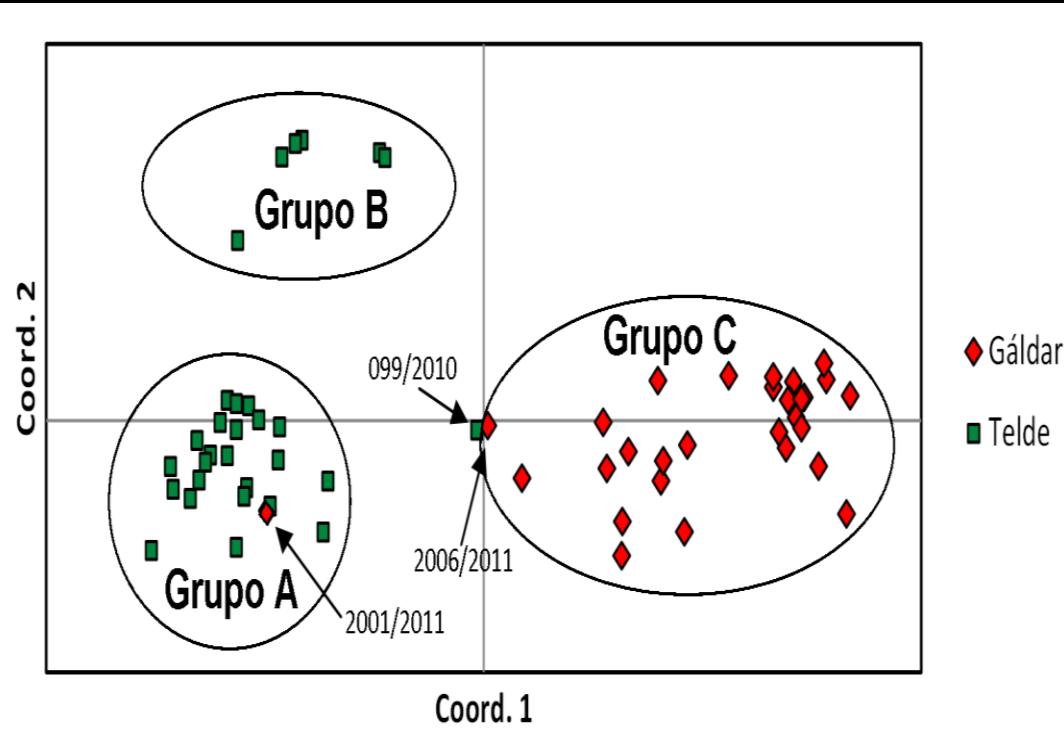


Grupos A y B de culebra real de California de Telde



ANÁLISIS DE ASIGNACIÓN POBLACIONAL

| Población | Propia | Otra |
|------------------|---------------|-------------|
| Gáldar | 28 (20) | 2 (1) |
| Telde | 29 (17) | 1 (1) |
| Total | 57 (37) | 3 (2) |



Cambios demográficos en las poblaciones

- No evidencias de cuello de botella
- No evidencias de expansión poblacional
(con el total de la muestra y el subset descartando HC)



Dos eventos de introducción independientes dieron lugar a las poblaciones de Telde y Gáldar

Tamaño efectivo de las poblaciones

- N_e estimados bajos con métodos diferentes ($N_e < 50$)
- Gáldar: valores fueron ligeramente superiores a los de Telde.

| | Ne estimator | Colony | |
|-----------------------------|-------------------|----------------------|-----------------|
| | Linkage diseq | Molecular coancestry | Full likelihood |
| Todos los individuos | | | |
| Gáldar (n = 30) | 19.0 (12.9, 30.4) | 2.6 (1.8) | 47 (28, 83) |
| Telde (n = 30) | 4.1 (2.9, 6.1) | 2.2 (1.7) | 29 (17, 53) |
| Sin HC | | | |
| Gáldar (n = 21) | 20.2 (13.2, 35.3) | 4.0 (2.4) | 49 (27, 109) |
| Telde (n = 18) | 11.7 (7.6, 19.2) | 1.9 (1.3) | 34 (18, 83) |

| Especie (localidad) | No. loci (N) | H _o | AR | F _{is} | Referencia |
|---|--------------|----------------|------------------------|-----------------|---------------------------------|
| <i>Natrix tessellate</i> (Switzerland) | 8 (21-22) | 0.26-0.32 | 2.4-3.1 ^a | NR | (Gautschi et al. 2002) |
| <i>Mintonius gloydi</i> (Ontario)* | 11 (28-141) | NR | 2.88-4.56 | -0.01-0.12 | (Row et al. 2010) |
| <i>Nerodia harteri</i> (Texas)* | 5 (8-34) | 0.34-0.64 | 2.8-9.4 ^a | NR | (Rodriguez et al. 2012) |
| <i>Vipera berus</i> (Jura Mountains)* | 7 (5-63) | 0.351- 0.638 | 2.11- 4.04 | -0.005- 0.256 | (Ursenbacher et al. 2009) |
| <i>Hoplocephalus bungaroides</i> (Sydney, Australia)* | 11 (4-58) | 0.43-0.68 | 2.31-3.00 | -0.016-0.076 | (Dubey et al. 2011) |
| <i>Lampropeltis californiae</i> (Gran Canaria) | 13 (30) | 0.485-0.490 | 4.875-6.364 | 0.245-0.257 | Este estudio |
| Datos sin HC | 13 (18-21) | 0.445-0.462 | 4.722-6.364 | 0.265-0.364 | |
| <i>Sistrurus catenatus</i> (Midwest USA and Canada) | 19 (6-68) | 0.48-0.75 | 2.86-5.23 | NR | (Chiucchi, Gibbs 2010) |
| <i>Nerodia erythrogaster neglecta</i> (Midwest USA) | 7 (11-64) | 0.53-0.70 | 3.99-7.15 | -0.01-0.16 | (Marshall et al. 2009) |
| <i>Boa constrictor</i> (Puerto Rico) | 5 (32) | 0.57 | 4 | 0.15 | (Reynolds et al. 2013) |
| <i>Boa constrictor imperator</i> (Cozumel Island) | 7 (30-46) | 0.57-0.62 | 7.57-8.86 ^a | 0.20-0.21 | (Vazquez-Dominguez et al. 2012) |

