



Diversidad genética de poblaciones forestales en paisajes fragmentados. El caso de las poblaciones de olla de mono (*Lecythis ampla*) en el Corredor Biológico San Juan-La Selva

.....| | Gustavo Hernández |.....

Ingeniero forestal.
Especialista en manejo
y conservación de
bosques tropicales
y biodiversidad.
Investigador en
el Instituto de
Investigación y
Servicios Forestales
de la Universidad
Nacional (gherna@una.
ac.cr).



Una de las principales causas de pérdida de diversidad biológica en el mundo es la transformación de los bosques húmedos tropicales que resulta de las diferentes actividades humanas (Kattan, 2002). La situación de los bosques en Costa Rica no es muy diferente de la que han sufrido los bosques de otros países en América Latina, donde la ganadería, la agricultura, el aprovechamiento de recursos forestales y la presión demográfica juegan un papel muy importante en los procesos de deforestación. Los bosques fragmentados se han convertido en paisajes abundantes, frecuentes y prácticamente dominantes en la región latinoamericana, con la excepción de grandes masas continuas de bosque como -por ejemplo- en el Parque Nacional de Tikal -Guatemala- y en la Amazonía.

Kattan (2002) menciona que una de las principales consecuencias de la deforestación es la creación de paisajes fragmentados donde algunos remanentes del bosque original, de tamaños y formas variables, se encuentran inmersos en un diverso número de hábitats transformados. La fragmentación a gran escala de los ecosistemas de bosque



Volver al índice

tropical puede alterar el ambiente físico y el clima tanto local como regionalmente.

Además de los efectos físicos, la fragmentación del hábitat como consecuencia de la deforestación puede ocasionar pérdida de la diversidad genética de especies dentro de una población y entre poblaciones, y en el peor de los casos la extinción de especies. En el largo plazo, la erosión genética induce a la extinción de especies y a la pérdida de ecosistemas y elimina la posibilidad de utilizar la variación genética para beneficios económicos y para la restauración ecológica (Namkoong, Boyle, El-Kassaby, Eriksson, Gregorius, Joly, Kremer, Savolainem, Wickneswari, Young, Zeh-Nlo y Prabhu, 2002).

Las especies requieren de variación genética para poder enfrentar con éxito los desafíos presentes y para sobrevivir y reproducirse bajo condiciones ambientales cambiantes. La conservación de la diversidad genética es también una condición necesaria para la evolución y adaptabilidad de poblaciones locales y de todas las especies en general. De esta forma, la conservación de la diversidad genética es un elemento necesario para el mantenimiento de todos los niveles de la biodiversidad, los cuales valoramos por su existencia y utilidad. Sin embargo, la variación genética es difícil de medir directamente y, por lo general, sus efectos sobre la dinámica poblacional y de los ecosistemas son difíciles de predecir (Namkoong et al., 2002). Por tal razón, la pérdida de diversidad genética es fácil de ignorar hasta que es demasiado tarde para recuperarla, amenazando la

capacidad de las especies y de los ecosistemas de adaptarse a cambios ambientales donde las presiones sociales y económicas sobre los bosques prevalecen sobre las necesidades ecológicas.

Actualmente, muchos de los bosques manejados de Costa Rica se encuentran finalizando el primer ciclo de corta desde su primer aprovechamiento bajo el régimen de manejo forestal sostenible; ciclo que, por lo general, fue establecido de 15 a 20 años. Es por eso que el tema de segundas cosechas de bosques manejados es hoy una alternativa para los dueños de bosques productores de madera y de servicios ecosistémicos como agua, belleza escénica y captura de CO₂, entre otros. En el corto plazo, las entidades gubernamentales encargadas de aprobar los planes de manejo forestal deberán tomar la decisión de dar el visto bueno o la negativa a una segunda intervención; de hecho ya existe una nueva legislación para el manejo de bosques naturales enmarcada en tres documentos: (i) Principios, Criterios e Indicadores; (ii) Código de Prácticas; y (iii) Manual de Procedimientos. Además, en la medida en que esta decisión pueda estar basada en estudios integrales que den respuesta a la recuperación del bosque a niveles de crecimiento, ecológicos y genéticos, se podrá asegurar su permanencia y la de los servicios ecosistémicos que brindan a la sociedad.

Los bosques intervenidos ofrecen un potencial de investigación bastante interesante. Ahí se ven acelerados procesos ecológicos dinámicos como reclutamiento de especies colonizadoras de

claros, mortalidad de individuos y disminución, entre otros. Las operaciones silvícolas o tratamientos implementados constituyen una herramienta más en el proceso de manejo que procura mantener la sustentabilidad y rentabilidad del recurso forestal (Quirós y Méndez, 1996).

Si se toma en cuenta que la mayoría de los planes de manejo que se realizan en Costa Rica se llevan a cabo en fragmentos de bosques relativamente pequeños, entre 100,0 y 16,8 ha (Hernández, 1999), estas características a nivel de paisaje toman mayor fuerza. Los efectos que puede ocasionar la fragmentación de bosques son: efecto de área, de borde y de aislamiento, así como la reducción de riqueza y diversidad, y la extinción local de especies.

Recientemente existen estudios de bosques fragmentados latinoamericanos que reportan extinciones locales de aves y cambios en la dinámica poblacional de árboles, como incremento de la abundancia de árboles pioneros y disminución de especies arbóreas típicas del interior del bosque (Murcia, 1995; Hall, Walker y Bawa, 1996; Hamilton, 1999). Gallego (2002) encontró que las poblaciones de especies focales (sensibles a los disturbios por fragmentación y aprovechamiento de madera) no mostraron consecuencias negativas de la intervención humana. Una excepción fue la especie *Lecythis ampla*, la cual presentó una baja proporción de individuos de regeneración en relación con árboles adultos en su población.

Por otro lado, Flores (2005) realizó un estudio del efecto de la fragmentación

del hábitat sobre la ecología reproductiva de *Quararibea ochrocalyx* en bosques húmedos dentro del Corredor Biológico San Juan-La Selva. Él menciona que bajas densidades de plantas juveniles registradas en los fragmentos de bosque podrían ser evidencia de que la fragmentación tiene efectos negativos sobre el establecimiento de nuevos individuos de esta especie.

En un estudio sobre la producción de frutos de *Virola koschnyi* y *Simarouba amara*, Rodríguez (2000) menciona que los efectos de la fragmentación en bosques aprovechados de manera sostenible sobre la producción de frutos de estas dos especies no son claros. Sin embargo, mientras se mantengan árboles de diámetros reproductivos a distancias menores de 300 m se garantiza la producción de frutos de manera comparable a la que sucede en bosques continuos, lo que supone que los polinizadores no encuentran barreras para la dispersión en los bosques fragmentados donde se realizó el estudio.

En el caso de la diversidad genética en poblaciones fragmentadas la variabilidad es reducida, mientras que la varianza entre las poblaciones es mayor. Las poblaciones pequeñas tienden a tener mayor homocigocidad debido a procesos de deriva genética y endogamia, los cuales dependen de la eficiencia genética del tamaño de la población (Savolainen y Kuittinen, 2000).

Existen resultados conflictivos respecto de los efectos de la fragmentación en los trópicos. Por un lado hay estudios que afirman que la deforestación puede

afectar la estructura genética y conducir a “cuellos de botella” en la medida en que el flujo genético es interrumpido entre árboles de una misma especie. Un ejemplo de estos estudios es el de Hall et al. (1996) acerca del efecto de la fragmentación de bosques sobre la diversidad genética y sistemas de cruzamiento en árboles de *Pithecelobium elegans*, el cual se realizó en el Corredor Biológico San Juan–La Selva. En este estudio se concluyó que los procesos de fragmentación están ocasionando que las poblaciones de esta especie se conviertan en poblaciones pequeñas, genéticamente erosionadas y aisladas.

Por otro lado, algunos estudios mencionan que los flujos de polen en grandes distancias, detectados mediante análisis de paternidad, demuestran que árboles aislados en paisajes fragmentados funcionan como fuentes de polen o conectores entre parches (Chase, Boshier y Bawa, 1995). Buena parte de esta controversia se debe a la variabilidad en los procesos genéticos que existe entre las especies tropicales, donde la gran variación en los rangos de distancias óptimas para la reproducción puede oscilar desde cien hasta menos de un kilómetro cuadrado entre especies (Nason y Hamrick, 1997).

Si consideramos que el área de influencia del Corredor Biológico San Juan–La Selva se encuentra inmersa en una matriz dominada por un paisaje fragmentado (Ramos 2004), podemos suponer que la variabilidad genética entre los fragmentos de bosque es mayor a la que se encuentra dentro de cada fragmento,

lo que evidencia la importancia de conservar dichos fragmentos y de incentivar una conectividad entre ellos que permita el flujo genético. Una pregunta clave en el estudio de caso con poblaciones de *Lecythis ampla* es si los bosques fragmentados del Corredor Biológico San Juan–La Selva presentan niveles de conectividad y áreas de bosque bajas, donde los procesos genéticos son afectados de manera tal que exponen a las poblaciones a pérdidas de especies o riesgos en el futuro.

* * * * *

El proyecto “Efecto de la fragmentación de bosques en la estructura genética y flujo genético de una especie de alto valor ecológico y económico, *Lecythis ampla*” busca conocer las implicaciones genéticas de los procesos de fragmentación en poblaciones de olla de mono (*Lecythis ampla*), además de mejorar la capacidad de ejecución de los planes de manejo de bajo impacto en bosques naturales mediante la exploración de las implicaciones genéticas que conlleva el manejo de bosques naturales, priorizando las poblaciones de *Lecythis ampla* en la región norte del país, específicamente en el Corredor Biológico San Juan-La Selva.

El proyecto tiene dos fases: la primera, que se realizó en Costa Rica, es la fase de campo, en la que se realizaron las recolecciones de material vegetativo, como muestras de hojas, cambium y frutos de árboles adultos de *Lecythis ampla*; la segunda fase fue la de laboratorio, que

se realizó en Viena -Austria- en el laboratorio del Departamento de Genética del BFW. En una primera etapa se recolectó material vegetativo de árboles adultos de *Lecythis ampla* en bosques continuos y fragmentados y de árboles aislados. En la primera visita al BFW, al material recolectado se le extrajo el ADN y a partir de lo extraído se desarrollaron marcadores moleculares específicos para la especie (microsatélites). Durante el año 2011 se realizaron colectas de frutos de árboles adultos, con los que se emplearon los microsatélites desarrollados para la especie a fin de realizar estudios de diversidad genética y de flujo genético, y para estudiar las implicaciones de la fragmentación de bosques sobre ellos –en la segunda visita al BFW-. Entre los resultados preliminares del proyecto (aún falta analizar las secuencias de las semillas) están: recolección de material vegetativo de árboles y frutos de *Lecythis ampla* (cuadro 1 y figura 1); extracción de ADN de árboles adultos de *Lecythis ampla* en bosques continuos y bosques y paisajes fragmentados en Sarapiquí; desarrollo de 17 marcadores nucleares (microsatélites) específicos para la especie *Lecythis ampla* (cuadro 2); secuenciación de progenies y árboles maduros con los microsatélites desarrollados para el estudio del flujo de polen y el análisis de la diversidad genética de dos poblaciones de *Lecythis ampla* en bosques continuos y bosques fragmentados (cuadro 3).

Los resultados del estudio se limitan a la zona del Corredor Biológico San

Juan-La Selva, sin embargo los microsatélites desarrollados son para la especie, por lo que se podría ampliar el estudio a otras áreas del país donde ella crece, por ejemplo Limón y San Carlos. Los resultados todavía no son concluyentes respecto de los parámetros genéticos, principalmente porque no se ha concluido el análisis de todas las muestras; sin embargo, una vez finalizado se espera poder recomendar estrategias de manejo y conservación para la especie. El proyecto se encuentra en la fase final, que consiste en el análisis de todas las muestras de ADN recolectadas con ocho marcadores moleculares seleccionados de un total de 17 posibles, con lo que se pretende generar los parámetros de diversidad genética a nivel poblacional y de flujo genético a nivel de especie en los diferentes paisajes intervenidos por el ser humano.

Figura 1. Recolección de frutos *Lecythis ampla* de 30 árboles adultos y establecimiento de ensayo de procedencias a nivel de invernadero.



Cuadro 1. Recolección de muestras de cambium y hojas de *Lecythis* ampla durante 2009 y 2010, en Sarapiquí.

Population / Site	Type of forest / Fragmented status	Conservation status / Forest management	Trees collected	Regeneration collected	Area (ha)
Ladrillera 1	Primary Forest	SFM 2000	24	2	186
Ladrillera 2	Primary Forest	SFM 1998	4	0	50
Ladrillera 3	Primary Forest	SFM 2003	5	1	118
Ladrilleras pasturelands	Isolated trees	Isolated trees in Pasturelands	15	3	-
El Roble	Isolated trees	Highly fragmented and small fragments	14	(20)	-
La Linda	Primary Forest	SFM (2) 1993 and 2008	1	0	80
Parcelas Zorro – Marvin	Primary Forest	SFM (2) 1993 and 2008	10	0	90
La Selva_OTS	Primary Forest	Extracción selectiva hace más de 30 años	16	0	aprox 700
Starke	Secondary Forest (35 years old)	SFM 1998	3	0	300
Lagunillas	Isolated trees	Isolated trees in Pasturelands	2	0	-
Cacho Negro	Isolated trees	Isolated trees in Pasturelands	8	5	-
Pueblo Nuevo	Isolated trees	Isolated trees in Pasturelands	6	0	-
California	Isolated trees	Isolated trees in Pasturelands	5	0	-
Basurero	Isolated trees	Isolated trees in Pasturelands	4	0	-
Selva Verde	Primary Forest	Prev. Forest Management	10	0	300

Cuadro 2. Secuencia de primers y repeat motifs para 17 microsatélites loci seleccionados y desarrollados para *L. ampla*. (*)

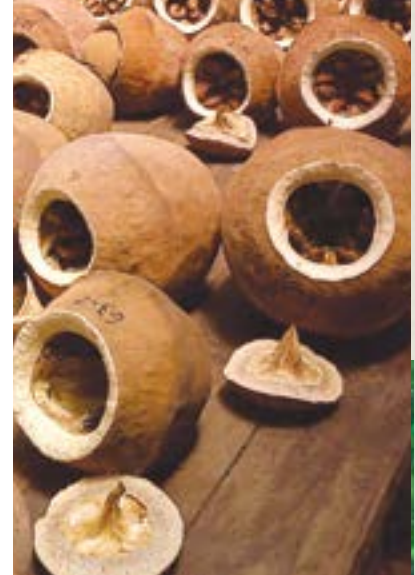
Locus	Forward-Primer	Reverse-Primer	Ta (°C)	Repeat motif
E1	GAAGTTACTG.....	CATTCACAAAA.....	58	(CT) _n (CA) _n
H1	CCGACCACGA.....	GAGCTGACGG.....	58	(GA) _n (GA) _n
E3	GGGCATCTAG.....	TAGCTCCT.....	58	(GT) _n (GA) _n
G4	GTGTAATGA.....	CAACA.....	58	(CA) _n (CT) _n
E5	GATACCCAGA.....	TCATAAT.....	58	(GA) _n
C7	TCTGATAGGT.....	TGC.....	58	(GT) _n (GA) _n
F7	GGAACACTC.....	CAAAG.....	58	(CT) _n (CA) _n
F8	CAGACTGAA.....	AGCTC.....	58	(GA)
F3	GAGGCAGG.....	AATCCC.....	58	(GA)
C4	TGCTCCTGTC.....	TTAGG.....	58	(CT) _n (GT) _n (GA) _n
G6	AACAGAGCT.....	TCACC.....	58	(GT) _n
D1	TTTCCACAT.....	GTTCA.....	58	(GA)
E8	AGCATCTGC.....	AATTGCAGG.....	58	(GA)
F1	CGTGCAACT.....	AGCC.....	58	(GA)
D3	AGCCTCTGTA.....	TGATCC.....	58	(GT) _n
G8	GATTCCACA.....	GCATG.....	58	(CT) _n (CA) _n
D6	GAAGCTC.....	TTGCTT.....	58	(GA)

(*) Las secuencias de los imprimadores se darán a conocer completas pronto en otro artículo en una revista científica especializada.

Cuadro 3. Parámetros genéticos poblacionales para los 17 microsatélites desarrollados para *L. ampla* en dos poblaciones de prueba (Population 1 = El Roble; Population 2 = La Selva).



Locus	N	Na	Ne	Ho	He	F	HWE depart.	Null allele freq.
Population 1								
G6	24	2	1.917	0.375	0.478	0.216		0.456
D1	24	4	1.407	0.333	0.289	-0.153		0.000
E8	24	4	1.538	0.375	0.350	-0.072		0.000
F1	24	4	2.356	0.458	0.576	0.204		0.118
D3	24	3	1.184	0.167	0.155	-0.073		0.000
G8	24	4	1.240	0.208	0.194	-0.076		0.000
D6	24	2	1.332	0.292	0.249	-0.171		0.000
E1	24	6	3.892	0.833	0.743	-0.121		0.000
H1	24	2	1.917	0.625	0.478	-0.307		0.540
E3	24	5	3.827	0.750	0.739	-0.015		0.010
G4A	24	3	1.843	0.500	0.457	-0.093		0.000
E5	24	3	1.475	0.292	0.322	0.094		0.158
C7	24	7	4.283	0.792	0.766	-0.033		0.000
F7	24	7	4.380	0.583	0.772	0.244	***	0.128
F8	24	3	1.347	0.292	0.258	-0.131		0.000
F3	24	8	4.987	0.917	0.799	-0.147		0.000
C4B	24	5	3.048	0.833	0.672	-0.240		0.000
Population 2								
G6	22	2	1.766	0.364	0.434	0.162		0.369
D1	21	3	1.849	0.571	0.459	-0.244		0.000
E8	21	5	2.279	0.714	0.561	-0.273		0.000
F1	21	3	2.485	0.571	0.598	0.044		0.111
D3	22	3	1.385	0.227	0.278	0.182		0.085
G8	22	4	1.872	0.545	0.466	-0.171		0.034
D6	22	2	1.252	0.227	0.201	-0.128		0.000
E1	21	6	4.302	0.714	0.768	0.069		0.000
H1	22	2	1.936	0.545	0.483	-0.128		0.564
E3	22	5	3.195	0.818	0.687	-0.191		0.000
G4A	22	3	1.689	0.455	0.408	-0.114		0.000
E5	22	4	1.803	0.500	0.445	-0.123		0.000
C7	22	10	6.769	0.864	0.852	-0.013		0.014
F7	22	9	4.914	0.818	0.796	-0.027		0.000
F8	22	2	1.308	0.273	0.236	-0.158		0.000
F3	22	8	4.545	0.773	0.780	0.009		0.023
C4B	22	5	1.603	0.364	0.376	0.033		0.023



Arriba: Gustavo Hernández, Jícara
Abajo: Gustavo Hernández, Árbol de Jícara

Referencias bibliográficas

- Chase, M. R., Boshier, D. H. & Bawa, K. S. (1995). Population genetics of *Cordia alliodora* (Boraginaceae), a neotropical tree. Mating system. *American Journal of Botany*, 82(4): 476-483.
- Flores, B. (2005). *Efectos de la fragmentación del hábitat sobre la ecología reproductiva de Quararibea ochrocalyx (K. Schum) Vischer en el bosque húmedo de Costa Rica*. Tesis Mag. Sc., Catie. Costa Rica. 58 p.
- Gallego, B. (2002). *Estructura y composición de un paisaje fragmentado y su relación con especies arbóreas indicadoras en una zona de bosque muy húmedo tropical, Costa Rica*. Tesis Mag. Sc., Catie. Costa Rica. 103 p.
- Hall, P., Walker, S. & Bawa, K. (1996). Effect of forest fragmentation on genetic diversity and mating system in a tropical tree, *Pithecelobium elegans*. *Conservation Biology*, 10(3):757-768.
- Hamilton, M. B. (1999). Tropical tree gene flow and seed dispersal. *Nature*, 401:129.
- Hernández, G. (1999). *Validación de la metodología de tocones para la evaluación de aprovechamientos forestales realizados por Codeforsa en la Región Huetar Norte de Costa Rica. Informe de práctica de especialidad*. Instituto Tecnológico de Costa Rica. Costa Rica. 70 p.
- Kattan, G. H. (2002). Fragmentación: patrones y mecanismos de extinción de especies. En: Guariguata, M. R. & Kattan, G. H. (eds.) *Ecología y conservación de bosques neotropicales*. Costa Rica. LUR. pp. 561-590.
- Murcia, C. (1995). Edge effects in fragmented forests: implications for conservation. *Tree*, 10(2): 58-62.
- Namkoong, G., Boyle, T., El-Kassaby, Y., Eriksson, G., Gregorius, H. R., Joly, H., Kremer, A., Savolainen, O., Wickneswari, R., Young, A., Zeh-Nlo, M. & Prabhu R. (2002). *Criteria and Indicators for Assessing the Sustainability of Forest Management: Conservation of Genetic Diversity. Forest Genetic Resources Working Papers, Working Paper FGR/37E. Forest Resources Development Service, Forest Resource Division, FAO, Rome*. 25 p.
- Nason, J. D. & Hamrick, J. L. (1997). Reproductive and genetic consequences of forest fragmentation: two case studies of neotropical canopy trees. *Journal of Heredity*, 88: 264-276.
- Quirós, D. & Méndez, J. (1996). Tratamientos silviculturales post-cosecha mejorada en el bosque tropical húmedo de la zona norte de Costa Rica. En: Sabogal, C., Camacho, M. & Guariguata, M. (1997). *Experiencias prácticas y prioridades de investigación en silvicultura de bosques naturales en América Tropical. Actas del Seminario-Taller realizado en Pucallpa, Perú, 17-21 de junio, 1996*. CIFOR, CATIE, INIA. Turrialba, Costa Rica. pp. 195-200.
- Ramos, Z. (2004). *Estructura y composición de un paisaje boscoso fragmentado: Herramienta para el diseño de estrategias de conservación de la biodiversidad*. Tesis Mag. Sc., Catie. Costa Rica. 127 p.
- Rodríguez, J. M. (2000). *Producción de frutos de dos especies dioicas, Virola koschnyi Warb. y Simarouba amara Aubl., en un paisaje fragmentado de la zona norte de Costa Rica*. Tesis Mag. Sc., Catie. Costa Rica. 125 p.
- Savolainen, O. & Kuittinen, H. (2000). Small population processes. En: Young, A., Boshier, D. & Boyle, T. (eds.) *Forest conservation genetics: principles and practice*. Collingwood, AU, CSIRO/CABI. pp. 91-100.