



# **UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO**

**POSGRADO EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL**

**Efectos de la degradación del hábitat sobre las comunidades de roedores y la transmisión de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia*, en la cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco.**

## **TESIS**

**QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:  
MAESTRO EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y LA SALUD ANIMAL**

**PRESENTA:  
OMAR GARCÍA SUÁREZ**

**TUTOR PRINCIPAL:  
DRA. MARISA MAZARI HIRIART**  
Laboratorio Nacional de Ciencias de la Sostenibilidad, Instituto de Ecología, UNAM

**COMITÉ TUTOR**  
**DRA. ANA CECILIA ESPINOSA GARCÍA**  
Laboratorio Nacional de Ciencias de la Sostenibilidad, Instituto de Ecología, UNAM  
**DR. GERARDO SUZÁN AZPIRI**  
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM

**CIUDAD UNIVERSITARIA., CD MX, ABRIL 2017**



Universidad Nacional  
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

**Biblioteca Central**



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

## **DEDICATORIA**

**A mi familia, gracias por su apoyo.**

## **AGRADECIMIENTOS**

Agradezco al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca otorgada durante esta investigación.

Esta tesis fue realizada gracias al financiamiento otorgado por los proyectos:

PAPIIT; UNAM IG200213 Indicadores de salud ambiental en la Cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco.

SEP\_CONACYT 179045 Respuesta del socioecosistema del bosque tropical seco de la región de Chamela al Huracán Jova, un evento catastrófico infrecuente 2013-2016.

Agradezco a la Dra. Marisa Mazari Hiriart por la confianza y el apoyo brindado durante este y otros proyectos, pero sobre todo por el esfuerzo para concluir éste.

A mi comité tutor: Dra. Ana Cecilia Espinoza García por su guía y sobre todo por apoyo técnico durante la realización de este trabajo y el Dr. Gerardo Suzan Azpiri por el apoyo durante el proyecto y por las experiencias compartidas durante este y otros proyectos.

A mis sinodales: M en C Claudia Irais Muñoz, Dr. Juan Pablo Martínez Labat, Dr. Enrique Martínez Meyer y Dr. Rafael Ojeda Flores por los comentarios y sugerencias que enriquecieron esta tesis.

A mis compañeros del LANCIS por los aprendizajes en este y sobre todo por que hicieron mucho más grata esta etapa.

A mis compañeros del grupo de Ecología de Enfermedades, FMVZ por sus aportes a este proyecto y por el impulso constante para mejorar como persona y como grupo.

Agradezco a las personas con quienes tuve la fortuna de convivir durante el trabajo de campo de este proyecto, sobre todo a Miguel Rivas, Paulina Álvarez, Mónica Jacinto, Julio Barrón, Yayo Salazar Adriana Nava y Nallely Vázquez, por aguantar las jornadas maratónicas, ya que sin su ayuda no hubiera sido posible finalizar el trabajo de campo.

## **AGRADECIMIENTOS ESPECIALES**

Al equipo #NoSePaseDeLANCIS: Nalle, Patines, Jannice, Stephanie, Miguel, Reymon, Erick, Toñin, Tere, Elisa, Vane, Blanca, Karla y quien falte por mencionar, por que hicieron mucho más divertida esta etapa.

A Chankanab's Team: en especial a Chucho, Paola, Shiara, Andrés, Pau, Rafa por las experiencias compartidas en campo, en la vida y por todo lo que viene.

A los que nunca me fallan Ana, Arturo, Mónica, Adrián, Hugo, Nacho, Marisa, Bibi, Luis, David, Isaura, Vic, Alejandro, Sacbel, Ania, Adri, Xavier, Buky, Aldo, Alex, Dana, Dan, Raúl, Maja, Sofía, Tania. Foko, Juanma y a quien falte en esta lista, "Gracias totales".

Agradezco especialmente a Nalle, Patines, Jannice y Chucho por estar en las buenas y en las malas durante estos años, ¡muchas gracias!

<b>ÍNDICE</b>	
RESUMEN .....	1
INTRODUCCIÓN .....	3
CAPÍTULO I .....	6
Efectos de la degradación del hábitat sobre las comunidades de roedores en la cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco .....	7
INTRODUCCIÓN .....	7
PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN .....	11
OBJETIVOS .....	11
OBJETIVO PRINCIPAL .....	11
OBJETIVOS PARTICULARES: .....	12
HIPÓTESIS .....	12
PREDICCIONES .....	12
MÉTODOS .....	13
ZONA DE ESTUDIO .....	13
SITIOS DE MUESTREO .....	13
MÉTODOS DE CAMPO .....	15
ATRIBUTOS DEL PAISAJE .....	15
ANÁLISIS ESTADÍSTICOS .....	15
RESULTADOS .....	16
DISCUSIÓN .....	24
CONCLUSIONES .....	26
CAPÍTULO II .....	28
Efectos de la degradación del hábitat sobre la dispersión de <i>Cryptosporidium parvum</i> y <i>Giardia lamblia</i> en la cuenca del río Cuitzmala, Jalisco. ....	28
INTRODUCCIÓN .....	28
PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN .....	31
OBJETIVOS .....	31
OBJETIVO PRINCIPAL .....	31
OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	31
HIPÓTESIS .....	32
PREDICCIONES .....	32
MÉTODOS .....	32
ZONA DE ESTUDIO .....	32
SITIOS DE MUESTREO .....	33
MÉTODOS DE CAMPO .....	33
DETECCIÓN DE <i>Cryptosporidium parvum</i> y <i>Giardia lamblia</i> POR INMUNOFLUORESCENCIA INDIRECTA .....	33
ANÁLISIS ESTADÍSTICOS .....	34
RESULTADOS .....	34
DISCUSIÓN .....	40
CONCLUSIONES .....	42
BIBLIOGRAFÍA .....	43

## LISTA DE CUADROS

Cuadro 1: Lista de sitios de muestreo.

Cuadro 2. Especies y abundancias capturadas por sitio.

Cuadro 3. Contribución de las principales variables del paisaje por componente a escala 500 m.

Cuadro 4. Contribución de las principales variables del paisaje por componente a escala 1000 m.

Cuadro 5. GLMs variable dependiente Simpson (D), explicativas componentes 1 y 2.

Cuadro 6. Prevalencia ponderada de *C. parvum* y *G. lamblia* por especie de roedores capturados en los sitios de muestreo en la cuenca del Río Cuitzmala.

Cuadro 7. Prevalencia ponderada de *C. parvum* y *G. lamblia* por sitio de muestreo de roedores en la cuenca del Río Cuitzmala.

Cuadro 8. Prevalencia ponderada por zona.

Cuadro 9. GLMs variables dependientes: prevalencia ponderada de *C. parvum* y *G. lamblia*; utilizando como variables explicativas: estructura de las comunidades y atributos del paisaje a distintas escalas.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Mapa de vegetación y uso de suelo de la cuenca del Río Cuitzmala y zonas de estudio.

Figura 2: Curva de rarefacción de especies de roedores capturados en la cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco.

Figura 3. Curvas de intervalo rango-abundancia por zona y gradiente de transformación del hábitat.

Figura 4. Análisis de componentes principales generados a partir de las métricas del paisaje a distintas escalas.

Figura 5. Cargas (intervalo intensidad/abundancia) por sitio de muestreo.

Figura 6. Cargas (intervalo intensidad/abundancia) por zona de la cuenca.

# RESUMEN

En la actualidad afrontamos un panorama de crisis a nivel global, las actividades humanas se han intensificado lo que ha generado daños en la mayoría de los ecosistemas. Estos daños se pueden observar a distintas escalas: local, regional y se magnifican a una escala global. Se considera que la degradación del hábitat, por la pérdida de cobertura vegetal, es el principal impulsor de la pérdida de biodiversidad. Con ésta pérdida se alteran procesos en los ecosistemas y se modifican los patrones de distribución de especies, así como la transmisión de patógenos entre estas. El presente estudio tiene como objetivo identificar a distintas escalas cómo influyen los elementos del paisaje asociados a la degradación del hábitat por las actividades humanas, sobre las comunidades de roedores y la transmisión de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* entre estas. Dicho trabajo se realizó en la cuenca del río Cuitzmala, Jalisco, con tres campañas de muestreo durante el 2014. Se establecieron tres zonas de monitoreo para roedores dentro de la cuenca, cada zona con tres sitios de captura, en un gradiente de degradación del hábitat (conservado, transformado y asentamientos humanos). Además de una zona control con dos sitios dentro de la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala. Se analizaron las heces de los individuos capturados para detectar la presencia de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia*. Para evaluar la respuesta de las comunidades y la presencia de ambos parásitos hacia la degradación del hábitat se estimaron métricas o atributos del paisaje a distintas escalas 100, 200, 500 m y por zona de estudio. Se observaron efectos asociados a la pérdida de la cobertura vegetal sobre las comunidades de roedores a nivel local. Además, se demostró influencia del paisaje sobre la estructura de la comunidad a escalas más amplias. En cuanto a la presencia de ambos protozoarios se observaron efectos locales de la pérdida de la cobertura vegetal, sin observar una respuesta hacia los cambios en los atributos de las comunidades. Además, por parte de *Cryptosporidium parvum* se encontró una relación directa de los atributos del paisaje hacia la presencia de éste. Dichos resultados sugieren que las actividades humanas favorecen cambios en las comunidades de roedores y también favorecen la presencia de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* en los roedores silvestres. Por lo que es necesario implementar programas de manejo y de salud pública que incluyan elementos paisajísticos para mitigar el efecto potencial de estos patógenos y prevenir futuros brotes tanto en la población humana, la fauna silvestre y animales domésticos.

Palabras clave: Roedores, *Cryptosporidium parvum*, *Giardia lamblia*, Chamela-Cuixmala, Degradación del hábitat.



## ABSTRACT

At present, we face to a panorama of global crisis, the intensification of human activities has damaged the most of the ecosystems. These damaged can observed at various scales: local, regional and then magnify at global scale. Habitat degradation for loss of land cover is considered the principal driver of the biodiversity lost. With this loss of land cover change the ecosystem processes, species distribution patterns and pathogens transmissions between species. The present study has as objective identify at various scales how landscape elements associated with habitat degradation by human activities influence on rodents communities and *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* transmission between these. This work was carried out in Cuitzmala River Basin, Jalisco, with three fieldwork seasons during 2014. Where delimited three monitoring zones for rodents in the basin, each zone with three capturing sites in a habitat degradation gradient (forested, transformed, and human settlements). In addition, a control zone with two sites in the Chamela-Ciuxmala Biosphere Reserve. Were analyzed feces samples of the captured individuals for detecting the presence of *Cryptosporidium parvum* and *Giardia lamblia*. To evaluate the response of rodent communities and the presence of both parasites in these to habitat degradation it was estimated landscape metrics at various scales (100, 200, 500, 500 m and for study zone). At local scale were observed effects associated with land cover loss in rodents communities. In addition, we showed up the landscape influence on rodents communities at larger scales. As for the presence of both parasites were observed local effects for land cover loss, not for changes in communities structure. In addition, it was shown that presence of *Cryptosporidium parvum* has a direct relation with landscape attributes. These results suggest that human activities facilitate changes in the structure of rodents communities and the presence of *Cryptosporidium parvum* and *Giardia lamblia* in these. For these reasons its necessary implement management and health programs that include landscapes elements to prevent potential effects of these pathogens and to prevent future outbreaks to affect human and animal health and wildlife conservation.

Key words: Rodents, *Criptosporidium parvum*, *Giardia lamblia*, Chamela-Cuixmala, habitat degradation,

## INTRODUCCIÓN

A nivel global, durante los últimos 300 años las actividades humanas se han intensificado constantemente, generando cambios severos en la superficie del planeta y consumiendo una gran cantidad de los recursos que proveen los ecosistemas (Sanderson *et al.*, 2002; Steffen *et al.*, 2004; Foley *et al.*, 2005). Esta intensificación de las actividades humanas tiene secuelas a escalas locales y regionales, que se magnifican a una escala global. Considerando el periodo actual como una nueva era geológica: el “Antropoceno” (Crutzen, 2002), caracterizada por la crisis que enmarca la pérdida de biodiversidad (Dirzo *et al.*, 2014).

El principal impulsor de esta pérdida de biodiversidad es la pérdida de la cobertura vegetal (Dirzo *et al.*, 2014) que se genera principalmente por el cambio de uso de suelo, dando paso a la agricultura, ganadería y asentamientos humanos (Fischer & Lindenmayer, 2007; Tanentzap *et al.*, 2015), lo anterior transforma la configuración del paisaje y degrada la calidad del hábitat (Foley *et al.*, 2005; Haddad *et al.*, 2015). De igual forma, altera las condiciones ambientales bióticas y abióticas, trayendo consigo un desequilibrio generalizado de los ecosistemas (Foley *et al.*, 2005; Brearley *et al.*, 2013).

Debido a estos cambios en el paisaje, se afectan directamente las comunidades bióticas, cambiando la riqueza, composición y abundancia de especies; repercutiendo sobre la diversidad alfa (Carrara *et al.*, 2015). Además se alteran interacciones como depredación, competencia (Fischer & Lindenmayer, 2007; Haddad *et al.*, 2015; Lewis *et al.*, 2016) y la transmisión de enfermedades infecciosas. Estos cambios que se generan en la estructura de las comunidades muchas veces favorecen la presencia de especies invasoras, hospederos competentes, reservorios y vectores (Pongsiri *et al.*, 2009; Johnson, Ostfeld & Keasing, 2015; Seabloom *et al.*, 2015).

Además, los cambios biofísicos favorecen la persistencia de algunos patógenos en el ambiente (Estrada-Peña *et al.*, 2014), ya que se generan las condiciones

adecuadas para que estos puedan permanecer viables en el suelo y en los cuerpos de agua, principalmente; lo que favorece el potencial de infectar humanos, animales domésticos y silvestres (Baldursson & Karanis, 2011; Estrada-Peña *et al.*, 2014).

Por estas razones es necesario implementar estudios que nos ayuden a entender la respuesta de las comunidades bióticas ante los cambios en la configuración del paisaje (Corry & Nassauer, 2005). Además, se requiere incluir un enfoque integral que englobe aspectos ecológicos en el estudio de enfermedades infecciosas, para obtener un panorama integral desde individuos, poblaciones y la interacción entre los distintos hospederos. Esto ayudara para comprender los impulsores y las consecuencias que tienen los parásitos en la ecología de las especies (Johnson, de Roode & Fenton, 2015; Seabloom *et al.*, 2015; Huang *et al.*, 2016).

El objetivo de esta tesis fue observar cómo afecta la degradación del hábitat a las comunidades bióticas y si estos cambios favorecen o no la presencia de patógenos en estas comunidades. Para ello se utilizaron a las comunidades de roedores como indicadores y como agentes patógenos se detectó la presencia de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia*, los cuales se caracterizan por tener potencial zoonótico, amplia distribución y la capacidad de mantenerse viables en el ambiente (Carey, Lee & Trevors, 2004; Appelbee, Thompson & Olson, 2005; Baldursson & Karanis, 2011).

La zona de estudio fue la cuenca del Río Cuitzmala, que se caracteriza por tener amplias extensiones de Bosque Tropical Seco (BTS). Además, se considera como zona de influencia para la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala la cual protege una extensión de 13142 Ha de vegetación prístina. Sin embargo, esta región está siendo transformada principalmente por el aumento en las actividades agrícolas y ganaderas (Sánchez-Azofeifa *et al.*, 2009; Portillo-Quintero, Sánchez-Azofeifa & do Espirito-Santo, 2013).

El capítulo uno se centra en observar la respuesta que tienen las comunidades de roedores hacia la degradación del hábitat a distintas escalas: fragmento y paisaje. Se utilizaron métricas o atributos del paisaje para caracterizarlo y determinar la respuesta que tienen las propiedades emergentes de las comunidades (riqueza,

composición, abundancias relativas y diversidad alfa) a una escala local o de paisaje. En el capítulo dos se describe la influencia de los cambios en los arreglos de las especies producidos por el paisaje sobre la presencia de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia*. Se evaluó su respuesta y se determinó su papel sobre la facilitación de su transmisión. Cada capítulo se presenta con sus respectivos antecedentes, objetivos e hipótesis.

“El ingenio humano puede hacer diversas invenciones, pero nunca diseñara ninguna más hermosa, ni más simple, ni más al propósito que la Naturaleza, porque en sus inventos nada falta y nada es superfluo”.

—Leonardo da Vinci

# CAPÍTULO I

## Efectos de la degradación del hábitat sobre las comunidades de roedores en la cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco.

### INTRODUCCIÓN

En la actualidad afrontamos un panorama de crisis a nivel global (Dirzo & Raven, 2003; Steffen *et al.*, 2004). Durante los últimos 300 años las actividades humanas se han intensificado, y se estima que éstas ocupan entre el 30 y 50% de la superficie del planeta y consumen alrededor del 40% de la producción primaria de los ecosistemas (Crutzen, 2002; Sanderson *et al.*, 2002; Woolmer *et al.*, 2008).

Este aumento e intensificación de las actividades humanas ha influenciado y generado cambios en la configuración del paisaje de cerca del 90% de la superficie del planeta (Foley *et al.*, 2005; Blaschke, 2006), lo que provoca efectos severos a distintas escalas (Ewers & Didham, 2006; Haddad *et al.*, 2015). Estos efectos se acumulan desde escalas locales y regionales, se magnifican a una escala global, lo que da pie al reconocimiento de una nueva era geológica el “Antropoceno” (Crutzen, 2002; Steffen *et al.*, 2004). Una de las características más notables de esta era, es la declinación local de poblaciones de miles de especies, cuya magnitud es similar a las cinco extinciones masivas registradas en el planeta (Dirzo & Raven, 2003).

Se considera que la pérdida de la cobertura vegetal es el principal impulsor de esta pérdida de la diversidad biológica (Dirzo & Raven, 2003; Ewers & Didham, 2006; Dirzo *et al.*, 2014; Haddad *et al.*, 2015; Martínez-Ramos *et al.*, 2016). Esta pérdida afecta directamente interacciones como la competencia, la depredación y el parasitismo (Fischer & Lindenmayer, 2007; Haddad *et al.*, 2015), y genera disturbios en el ecosistema.

La pérdida de cobertura vegetal se ha generado principalmente para dar paso a las actividades agrícolas y pecuarias (Fischer & Lindenmayer, 2007; Dirzo *et al.*, 2014;

Tanentzap *et al.*, 2015), por medio de la vía típica de la fragmentación: donde extensiones grandes y continuas de vegetación nativa se sub-dividen en remanentes más pequeños conocidos como parches o fragmentos (Barrett & Peles, 1999; Fischer & Lindenmayer, 2007), debido a la intensificación en el cambio de uso de suelo (Fischer & Lindenmayer, 2007). Esta fragmentación genera una amplia gama de matices en la configuración del paisaje donde hay parches de bosques maduros, inmersos en una matriz contrastante entre distintos tipos de vegetación y uso de suelo (Sanderson *et al.*, 2002; Ewers & Didham, 2006).

Los fragmentos resultantes, se exponen con mayor facilidad a los procesos generados por las actividades humanas, donde la calidad de la matriz en la que se encuentren inmersos determina hasta que parte del fragmento penetran las condiciones ambientales exteriores y deterioran la calidad del hábitat: degradación de hábitat (Ewers & Didham, 2006; Fischer & Lindenmayer, 2007). Esta degradación del hábitat genera una presión constante sobre los ecosistemas, altera la calidad del agua, aire y suelo (Foley *et al.*, 2005), lo que trae consigo consecuencias a largo plazo sobre estos ecosistemas. Entre las que destacan la pérdida de su funcionalidad, disminución de su productividad y captura de carbono, que en conjunto afectan su resiliencia (Haddad *et al.*, 2015; Tanentzap *et al.*, 2015)

Sin embargo, la respuesta de las especies a este proceso de fragmentación o degradación del hábitat no siempre es fácil de observar. Suele depender del objetivo, la escala a la cual se realice el estudio y el grupo taxonómico con el que se trabaje (Fischer & Lindenmayer, 2007). Aunque es un tema complejo de abordar, ésta respuesta es un tema relevante para la planeación, manejo y conservación de la vida silvestre, así como para el desarrollo sostenible de las actividades humanas (Blaschke, 2006; Opdam, Steingrover & Rooij, 2006; Villard & Metzger, 2014). Por lo que se han generado un gran número de estudios enfocados en esta problemática y en la mayoría se consideran como los principales atributos del paisaje: área, borde, forma y matriz (Ewers & Didham, 2006; Fischer & Lindenmayer, 2007; Haddad *et al.*, 2015).

El área se considera de gran importancia para las comunidades bióticas, ya que

grandes extensiones de vegetación nativa intacta, implican que existan los recursos y el hábitat necesarios para un gran número de especies de plantas y animales (Dirzo & Raven, 2003; Ewers & Didham, 2006; Fischer & Lindenmayer, 2007). Por el contrario, la reducción de ésta se encuentra ligada directamente a la pérdida de la biodiversidad. La reducción del área de los fragmentos reduce la conectividad, disminuye la riqueza y abundancia de especies nativas y afecta la diversidad alfa ( $\alpha$ ); debido a que se pierde el soporte para éstas (Carrara *et al.*, 2015).

Los efectos generados por el borde, principalmente se deben a los cambios en el microclima del hábitat (humedad, radiación, temperatura), que alteran la composición de especies vegetales y animales (Aurambout, Endress & Deal, 2005; Ewers & Didham, 2006). Estos cambios pueden favorecer la permanencia de las especies tolerantes a la degradación del hábitat e incluir especies exóticas; desplazando a las especies nativas, que son poco tolerantes a la degradación o especialistas del hábitat (Fischer & Lindenmayer, 2007). Sin embargo, los efectos no son siempre negativos hacia el ecosistema, en sitios donde el contraste en el borde es bajo los procesos generados alrededor no penetran tan fácilmente en el fragmento (Ewers & Didham, 2006).

La forma del fragmento determina la interacción entre el perímetro y el área de éste, lo cual establece las dimensiones del área núcleo y el borde correspondiente para cada parche (Ewers & Didham, 2006). Ya que dependiendo del tamaño y la complejidad de la forma puede incrementar el área núcleo o el borde, siendo más común la pérdida de especies en fragmentos con forma compleja ya que el área correspondiente al borde es mayor que el área núcleo (Haddad *et al.*, 2015).

Algunos estudios consideran que la fragmentación del hábitat se puede abordar mediante el estudio de los atributos del paisaje. Sin embargo, es muy importante evaluar la calidad de la matriz donde se encuentran inmersos los fragmentos ya que ésta determina la abundancia y composición de las especies que se encuentran dentro del fragmento y qué tan permeable es a los procesos externos originados por la degradación del hábitat (Eigenbrod, Hecnar & Fahrig, 2011).



Para entender la respuesta de las comunidades bióticas a los cambios en estos atributos del paisaje se ha implementado el uso de métricas o índices del paisaje (Corry & Nassauer, 2005). El uso de dichas métricas nos da la posibilidad de cuantificar patrones en la composición y configuración del paisaje a distintos niveles y escalas de estudio (McGarigal, Tagil & Cushman, 2009), mismos que al ser relacionados con patrones observados en las comunidades bióticas ayudan a comprender el proceso de respuesta de las estas a los cambios ocurridos en el paisaje (Barrett & Peles, 1999).

Se han desarrollado trabajos científicos con diversos grupos taxonómicos para estudiar la respuesta de las comunidades hacia la degradación del hábitat. Sin embargo, los roedores se consideran un buen grupo indicador, ya que es un grupo diverso, ocupa una amplia variedad de nichos y están involucrados en distintos procesos de la regeneración de los bosques como la dispersión de semillas. Además tienen ámbitos hogareños y patrones de dispersión relativamente pequeños (Barrett & Peles, 1999).

El bosque tropical seco es un ecosistema que alberga una gran diversidad biológica, sin embargo, se encuentra amenazado por las actividades humanas. Se estima que solo alrededor del 27% del área de la distribución original queda en condiciones prístinas, y el restante presenta algún grado de degradación debido a las actividades humanas (Trejo & Dirzo, 2000). Específicamente en la costa de Jalisco se encuentra una de las extensiones más amplias de bosque tropical seco (Trejo & Dirzo, 2000), la cual alberga un gran número de vertebrados terrestres, con alto número de especies endémicas y de distribución restringida (Ceballos *et al.*, 2008), debido a las adaptaciones fisiológicas y ecológicas que presentan para resistir la marcada estacionalidad climática de la región (Ceballos & Valenzuela, 2010); Tal es el caso de los roedores, grupo muy abundante en la región y del cual se cuenta con amplia información sobre su historia natural (Ceballos, 1990).

En esta región se encuentra la cuenca del Río Cuitzmala, cuyo paisaje se caracteriza por tener amplias extensiones de bosque tropical seco (BTS), intercaladas con selvas medianas y vegetación de ribera. Además, de ser zona de

influencia para la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala, dicha reserva protege una extensión de 13142 Ha de vegetación intacta. Sin embargo, esta región al igual que todo el BTS del país está siendo transformada principalmente por el aumento en las actividades agrícolas y ganaderas (Sánchez-Azofeifa *et al.*, 2009; Portillo-Quintero, Sánchez-Azofeifa & do Espirito-Santo, 2013).

Debido a la importancia biológica de la región y a la presión de las actividades humanas sobre esta, el objetivo de este estudio es determinar cómo influye la degradación del hábitat a distintas escalas: fragmento y paisaje sobre las comunidades bióticas del río Cuitzmala, Jalisco; utilizando como indicadores a las comunidades de roedores.

## **PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN**

1: ¿La degradación del hábitat influye en los arreglos de especies de las comunidades de roedores de la Cuenca del Río Cuitzmala? ¿Existen diferencias según la escala, parche o fragmento y a nivel de paisaje? y ¿Qué métricas del paisaje influyen directamente sobre las comunidades de roedores?

2: A nivel de paisaje ¿Hay diferencia entre las tres zonas estudiadas de la cuenca (media-alta, media y baja) sobre la influencia del paisaje en las comunidades de roedores?

## **OBJETIVOS**

### **OBJETIVO PRINCIPAL**

Determinar cómo influye la degradación del hábitat a distintas escalas fragmento y paisaje en los arreglos de especies de las comunidades de roedores.

## **OBJETIVOS PARTICULARES:**

1. Determinar la influencia del paisaje a nivel de parche o fragmento sobre las comunidades de roedores en un gradiente de degradación del hábitat: conservado (vegetación nativa), transformado (cultivo-potrero), poblado (asentamientos humanos) y control (Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala).
2. Determinar qué métricas del paisaje influyen sobre las comunidades de roedores a distintas escalas 100 m, 200 m, 500 m y 1000 m.
3. Determinar la influencia del paisaje sobre las comunidades de roedores en las zonas estudiadas de la cuenca: media-alta, media y baja.

## **HIPÓTESIS**

La transformación del hábitat en la cuenca del río Cuitzmala generada por el cambio de uso de suelo a ganadería, agricultura y asentamientos humanos, altera la estructura del paisaje, teniendo efectos a distintas escalas, parche-fragmento y a nivel de paisaje sobre la estructura de las comunidades de roedores.

## **PREDICCIONES**

1: La composición de especies en las comunidades de roedores cambia conforme aumenta el grado de degradación del hábitat, presentando menor riqueza y diversidad de especies en tanto aumenta la degradación del hábitat.

2: A mayor grado de degradación del hábitat, mayor cambio en la composición de especies, favoreciendo la presencia de especies invasoras como son *Mus musculus*, *Rattus rattus* y *Rattus norvegicus*.

## MÉTODOS

### ZONA DE ESTUDIO

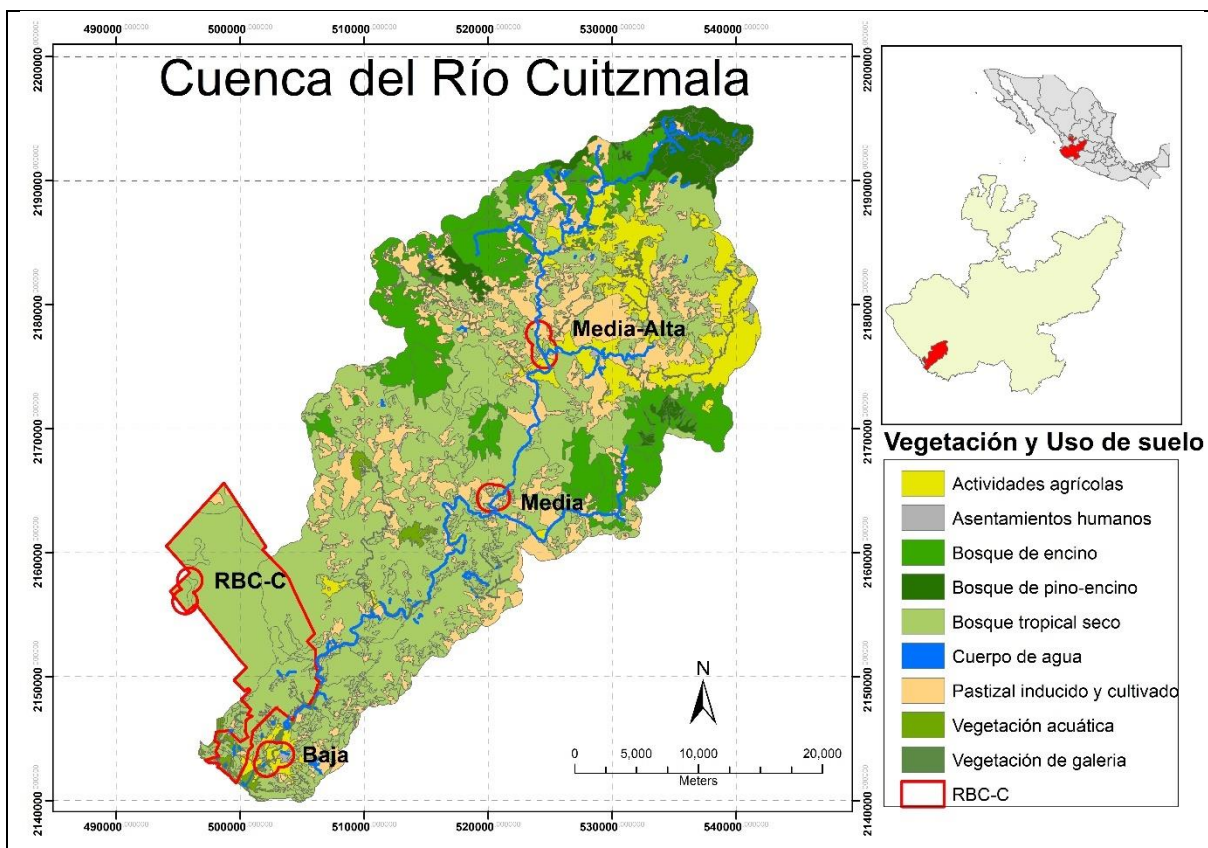
La cuenca del Río Cuitzmala ubicada en los municipios de La Huerta y Purificación, Jalisco, en la zona occidental del país; fisiográficamente se encuentra al noreste de la sierra Madre del Sur y de las subprovincias de las sierras de la costa de Jalisco y Colima. Su punto más alto se localiza a una altura de 1700 msnm y desemboca en el Océano Pacífico.

Presenta un clima cálido-húmedo que se caracteriza por tener una marcada estacionalidad en cuanto a la precipitación pluvial. Presenta un periodo de lluvias que dura en promedio cuatro meses con una temperatura que varía entre los 15° y 35°C a lo largo del año, con una temperatura media anual de 22°C (Bullock, 1986). La vegetación dominante de la región es el Bosque Tropical Seco (BTS), con parches intercalados de selvas medianas y vegetación de ribera. Con una menor proporción de manglar, matorral xerófilo, palmares, cultivos y pastizales inducidos (Lott & Atkinson, 2002).

### SITIOS DE MUESTREO

Se establecieron tres zonas de muestreo dentro de la cuenca del Río Cuitzmala (Figura 1); donde la vegetación dominante corresponde al BTS para evitar influencia del tipo de vegetación en la estructura de las comunidades de roedores. Dichas zonas según la división funcional de la cuenca corresponden dos en la zona media-alta: “El Chino” alrededor de los 350 msnm, zona media “El Tempisque” a 250 msnm y baja: Francisco Villa 13 msnm en la zona baja (Mazari-Hiriart *et al.*, en preparación). Además, se estableció una zona control dentro de la RBC-C donde solo hay vegetación nativa, prístina. En cada zona se establecieron tres sitios de muestreo en un gradiente de degradación del hábitat o pérdida de vegetación nativa: conservado (vegetación nativa), potrero-cultivo (vegetación inducida, pastizal y/o cultivo) y poblado o asentamientos humanos y 2 sitios dentro de la zona control para un total de 11 sitios de muestreo (Cuadro 1).

Figura 1. Mapa de vegetación y uso de suelo de la cuenca del Río Cuitzmala y zonas de estudio.



Fuentes: Mapa de Vegetación y uso de suelo: CIGA, 2008 y Serie V INEGI.

Cuadro 1: Sitios de muestreo

Sitio	Clave	Zona	Utm X	Utm Y
Chino poblado	C_pob	Media-alta	524534	2175885
Chino conservado	C_cons	Media-Alta	524543	2176346
Chino cultivo	C_cult	Media-Alta	524092	2177662
Tempisque poblado	T_pob	Media	520153	2164303
Tempisque conservado	T_cons	Media	520861	2164397
Tempisque potrero	T_pot	Media	520141	2164536
Villa poblado	V_pob	Baja	503336	2143693
Villa conservado	V_cons	Baja	502144	2142935
Villa potrero	V_pot	Baja	502393	2143768
Control 1	RBCC2	Control	495944	2157757
Control 2	RBCC1	Control	495556	2156054

## **MÉTODOS DE CAMPO**

En cada sitio se colocaron cuadrantes de 10x10 trampas tipo Sherman (Sherman Inc., Florida), a una distancia de 10 m entre cada trampa. Las trampas se cebaron con una mezcla de avena, crema de cacahuate y vainilla; se mantuvieron activas durante tres noches consecutivas. La captura de roedores se realizó durante tres campañas de muestreo en el año 2014, que correspondieron a enero (transición lluvias-secas), junio (estación seca) y septiembre (estación lluviosa).

A los individuos capturados se les identificó a nivel de especie según los criterios de Ceballos y Miranda (2000), se les tomaron datos morfométricos y se les tomaron muestras de heces de manera directa para estudios posteriores. Todos fueron liberados en el sitio de captura.

## **ATRIBUTOS DEL PAISAJE**

Para estimar los atributos del paisaje se estimaron métricas utilizando las capas de vegetación y uso del suelo generadas por CIGA, 2008 para la cuenca del Río Cuitzmala y las capas de vegetación y uso de suelo de la serie V del INEGI que se re-categorizaron según los mismos criterios para la RBC-C, estas capas ya re-categorizadas se transformaron en formato raster utilizando ArcMAP de Arc GIS 10 (Figura 1). Para la estimación de métricas o atributos del paisaje se generaron buffers a 100 m, 200 m, 500 m y 1000 m en cada sitio, a los buffers generados a 1000 m se unieron con la función “merge” (Arc GIS 10) para dividir la cuenca en cuatro zonas de estudio (media-alta, media, baja y RBC-C). Una vez generados los buffers se utilizó la extensión Patch Analyst 5 con su interface con FRAGSTATS para Arc GIS 10, generando 34 índices del paisaje a las diferentes escalas.

## **ANÁLISIS ESTADÍSTICOS**

Para el análisis de las comunidades de roedores se realizaron curvas de rarefacción para evaluar el esfuerzo de muestreo, se determinó la riqueza, composición, abundancia, diversidad (Simpson D) y similitud (Índice de Jaccard) en dos escalas

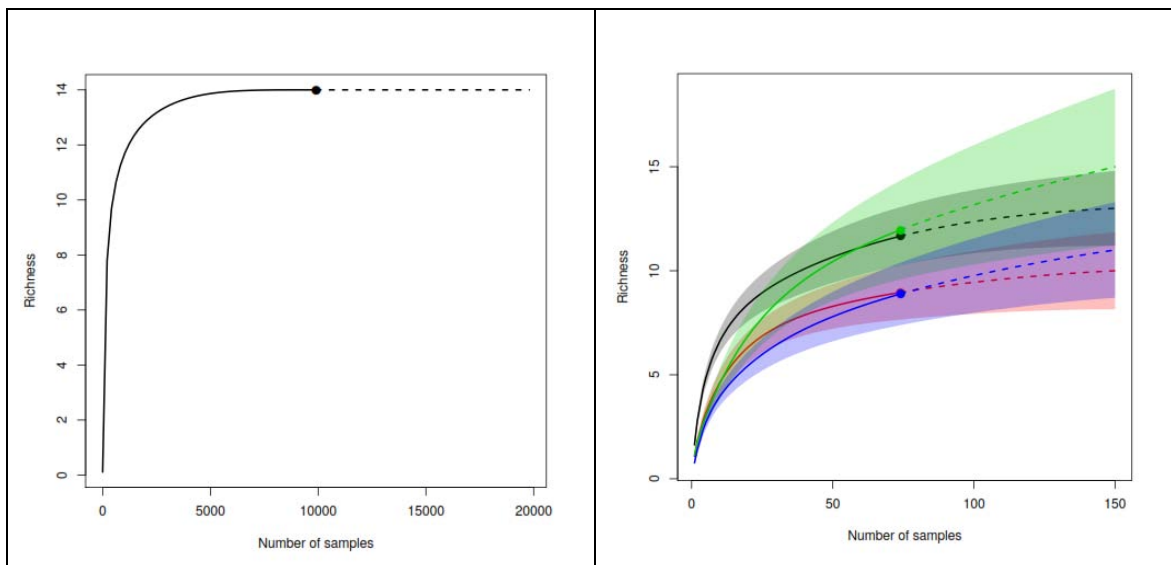
(sitio y zona). Se realizaron curvas de rango abundancia y se comparó la diversidad entre sitios y tipo de sitio (conservado, potrero-cultivo y poblado) y por zona (media-alta, media, baja y RBC-C). Para dichos análisis se utilizó la plataforma R versión 3.1.1, con las paqueterías iNext, Vegan, Biodiversity R y GGPlot 2.

Los análisis estadísticos a nivel de paisaje se realizaron utilizando las distintas escalas (100 m, 200 m, 500 m y 1000 m). Con las métricas del paisaje obtenidos se realizó un análisis de componentes principales (PCA) como método de ordenación de los sitios y las zonas de la cuenca de acuerdo a los métricos del paisaje utilizando el programa XLSTAT 2016 18.07. De estos se extrajeron las puntuaciones factoriales generadas y se realizaron modelos lineales generalizados (GLM's) para evaluar la respuesta de la riqueza, abundancias relativas y diversidad (Shanon D) hacia las variables explicativas (puntuaciones factoriales PCA) en las distintas escalas utilizando el programa SPSS 20.

## **RESULTADOS**

Se realizó un esfuerzo de muestreo total de 29700 noches/trampa, con un total de 1051 capturas (3.5% éxito de captura). Las curvas de rarefacción generadas para la región muestran que está muy próxima a alcanzar la asíntota por lo que se considera un buen esfuerzo de muestreo, con poca probabilidad de encontrar especies nuevas (Figura 2). La riqueza de especies capturadas fue de 14 especies, la especie más abundante fue *Liomys pictus* (324 individuos, 30.8%), seguida de *Bayomys musculus* (204 individuos, 19.41%) (Cuadro 2). Para el sitio Chino\_conservado se capturaron seis individuos de *Hodomys alleni* la especie más rara para nuestro muestreo, de la que se cuenta con poca información por lo que se depositaron dos ejemplares a Colección Nacional de Mamíferos, Instituto de Biología, UNAM y solo se encontraron las especies invasoras *Mus musculus*, *Rattus rattus* y *Rattus norvegicus* en sitios con pérdida de la vegetación nativa (Cuadro 2).

Figura 2: curva de rarefacción de especies de roedores capturados en la cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco a) regional b) por zona Media-Alta, Media y Baja



Cuadro 2. Especies y abundancias capturadas por sitio.

Sitio	<i>Baromys musculus</i>	<i>Hodomys alleni</i>	<i>Liomys pictus</i>	<i>Mus musculus</i>	<i>Orizomys couesi</i>	<i>Orizomys melanotis</i>	<i>Osgoodomys banderanus</i>	<i>Peromyscus perfulvus</i>	<i>Rattus norvegicus</i>	<i>Rattus rattus</i>	<i>Reithrodontomys fulvescens</i>	<i>Sigmodon alleni</i>	<i>Sigmodon mascotensis</i>	<i>Spermophilus annulatus</i>
Chino conservado	45	6	74	0	8	21	44	42	0	0	0	1	0	3
Chino poblado	28	0	0	0	16	5	1	2	2	1	2	0	1	1
Chino potrero	21	0	10	0	5	1	0	1	0	0	14	8	29	0
RBCC-C2	10	0	91	0	15	15	19	19	0	0	0	0	2	0
RBCC-1	3	0	84	0	7	5	5	5	0	0	0	0	1	0
Tempisque conservado	6	0	30	0	0	1	6	2	0	0	3	2	4	0
Tempisque poblado	33	0	8	0	6	0	2	1	0	0	7	0	4	0
Tempisque potrero	11	0	5	0	0	0	0	0	0	0	3	2	3	0
Villa conservado	41	0	20	0	57	24	6	12	0	0	1	4	8	0
Villa poblado	0	0	0	5	0	0	0	0	2	12	0	0	0	0
Villa potrero	6	0	2	18	7	5	0	0	0	1	2	0	6	0



Las curvas de rango-abundancia por sitio muestran que en los sitios Chino conservado, Tempisque conservado, al igual que los sitios dentro de la RBC-C la especie más abundante es *Liomys pictus*, en el sitio Villa conservado la especie más abundante es *Orizomys couesi*. Dentro del gradiente de degradación de hábitat cambia la estructura de la comunidad, la especie más abundante fue *Baiomys musculus* en los sitios Chino potrero, Chino poblado, Tempisque potrero y Tempisque poblado, mientras que para los sitios Villa potrero la especie más abundante fue *Mus musculus* y para Villa poblado *Rattus rattus* (Figura 3).

Con el índice de dominancia de Simpson se observó que el sitio RBCC 1 obtuvo el valor más alto  $D=0.59$ , seguido de Villa poblado  $D=0.47$ , el rango para los demás sitios varió de:  $D= 0.19-0.32$ , siendo los sitios más equitativos: Chino conservado ( $D=0.19$ ), Villa conservado ( $D=0.20$ ), Villa potrero y Chino potrero con ( $D=0.21$ ); sin haber diferencia estadística significativa entre sitios.

Figura 3. Curvas de intervalo rango-abundancia por zona y gradiente de transformación del hábitat.

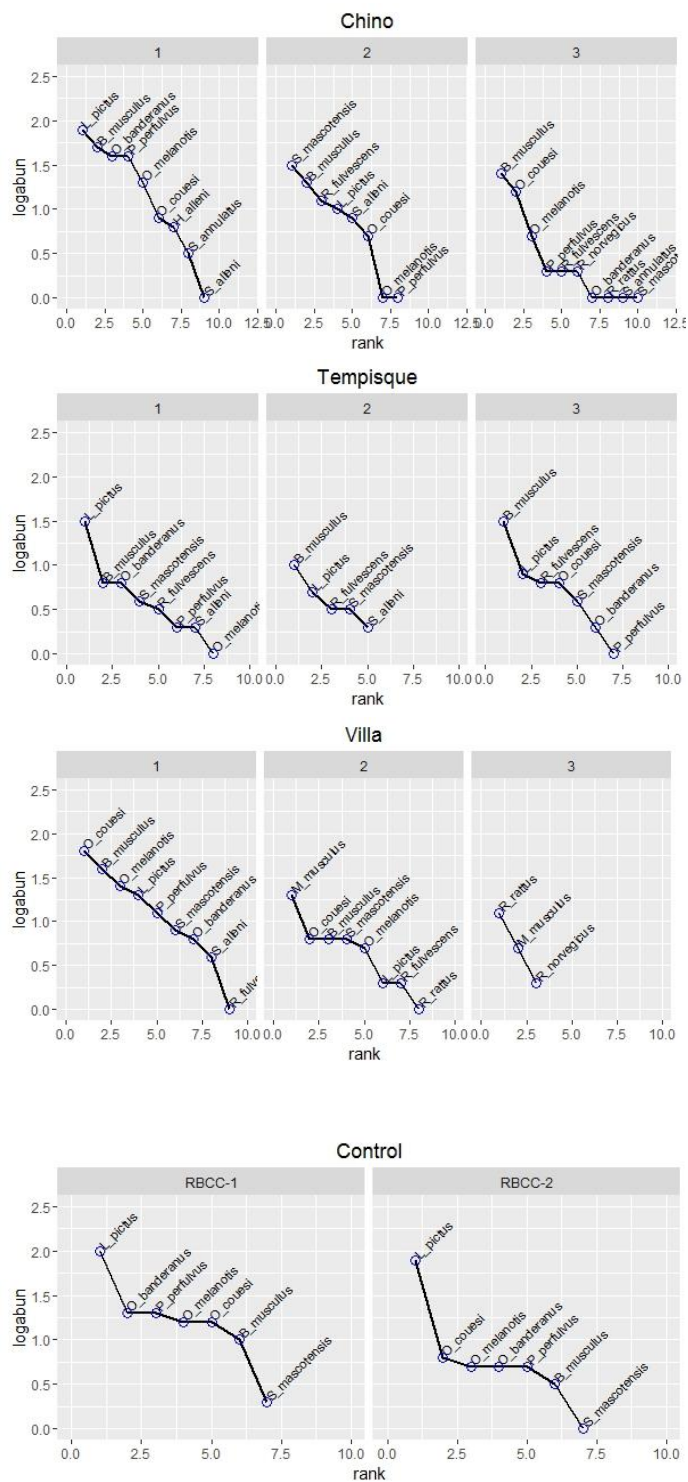


Figura 3. Curvas de rango-abundancia por zona y gradiente de transformación del hábitat.

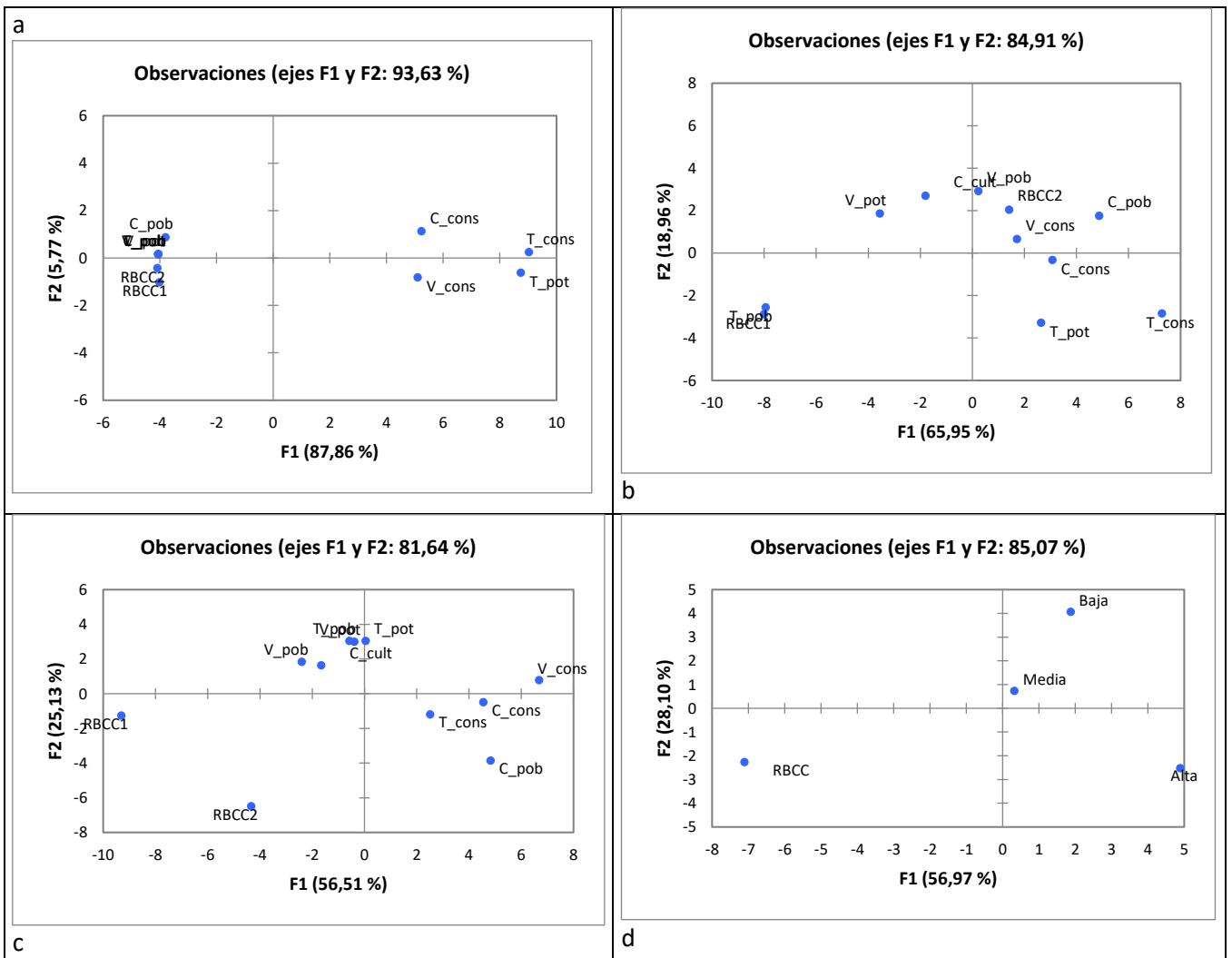
- 1 Conservado
- 2 Transformado
- 3 Poblado

El análisis de componentes principales a 100 m no presentó ningún tipo de agrupación relevante, los primeros dos factores explican el 89.2% de la variabilidad de los datos. A 200 m se agrupan en 3 tipos de sitios: uno conformado por los sitios con vegetación prístina RBCC 1 Y RBCC 2, el segundo por los sitios Chino poblado y Tempisque potrero y el tercero por los sitios Chino potrero, Tempisque poblado, Villa potrero y Villa poblado; se generaron dos factores que explican el 85.41% de la variabilidad de los datos (Figura 4).

A 500 m se ordenan los sitios en tres tipos: agrupándolos con vegetación prístina RBCC 1 y RBCC 2 y los otros 2 grupos en donde se separan los sitios que presentan pérdida de la vegetación nativa (cultivos, potreros, poblados) y los sitios conservados junto con el sitio Chino poblado con una menor distancia entre estos grupos que con el otro (Figura 4). El análisis generó 2 factores que explican el 81.6% de la variabilidad de los datos. El componente uno se asoció a métricas relacionadas con el número, tamaño, forma y complejidad de parches, al tamaño y densidad de borde, a el número, tamaño y densidad de áreas núcleo. Mientras que el componente dos está asociado a variables relacionadas con la variación del tamaño del parche, el área núcleo y la diversidad de parches (Cuadro 3).

En la escala por zonas a 1000 m al igual que en las otras escalas, se separan las zonas con vegetación prístina de las otras zonas de la cuenca, y separando ligeramente a las zonas media-alta y zona media. Los dos primeros factores generados explican el 85.9% de la variabilidad de los datos (Figura 4). El componente uno se asoció a variables relacionadas con el número, área, tamaño y diversidad del parche y la variación de número, tamaño de las áreas núcleo (Cuadro 4).

Figura 4. Análisis de componentes principales generados a partir de las métricas del paisaje a distintas escalas



a) 100 m, b) 200m, c) 500 m y d) 1000 m.

Cuadro 3. Contribución de las principales variables del paisaje por componente a escala 500 m.

Métrica	Abreviación	Correlación		Aporte %	
		C1	C2	C1	C2
Numero de parches	NumP	0.954		5.029	
Promedio de Tamaño de Parche	MPS	-0.963		5.125	
Coficiente de Variación de Tamaño de Parche	PSCoV		0.890		9.856
Total de Borde	TE	0.985		5.362	
Densidad de Borde	ED	0.985		5.362	
Índice Ponderado de Forma Media del Área	AWMSI	0.847		3.970	
Área Media Ponderada por Parche en Dimensión Fractal	AWMPFD	0.865		4.137	
Índice de Diversidad de Shanon	SDI	0.879		4.273	
Densidad de Área Núcleo	CAD	0.900		4.482	
Promedio de Área Núcleo	MCA	-0.923		4.714	
Covarianza de Área Núcleo	CACoV		0.910		10.291
Índice del total de Áreas Núcleo	TCAI	-0.985		5.362	
Coficiente de Variación del Área Núcleo de Parche	CACV1		0.854		9.064
Índice de Forma de Paisaje	LSI	0.985		5.362	
Promedio de Área Núcleo por Parche	MCA1	-0.966		5.164	
Numero de Áreas Núcleo	NCA	0.914		4.618	
Índice Modificado de Equitatividad de Simpson	MSIEI		-0.852		9.020

Cuadro 4. Contribución de las principales variables del paisaje por componente a escala 1000 m.

Métrica	Abreviación	Correlación		Contribución %	
		C1	C2	C1	C2
Total de Área del Paisaje	TLA	0.967		5.130	
Numero de Parches	NumP	0.967		5.130	
Promedio de Tamaño de Parche	MPS	-0.913		4.570	
Coficiente de Variación de Tamaño de Parche	PSCoV	0.967		5.130	
Desviación Estándar del tamaño de Parche	PSSD		0.980		10.683
Índice de Forma Media	MSI		0.980		10.683
Promedio de Parche Dimensión Fractal	MPFD		0.904		9.078
Densidad de Área Núcleo	CAD	0.967		5.130	
Promedio de Área Núcleo	MCA	-0.967		5.130	
Desviación Estándar de Área Núcleo	CASD	-0.913		4.570	
Covarianza de Área Núcleo	CACoV	0.913		4.570	
Coficiente de Variación del Área Núcleo de Parche	CACV1	0.967		5.130	
Desviación Estándar de Área Núcleo	CASD1	-0.913		4.570	
Índice de Largo de Parche	LPI	-0.967		5.130	
Promedio de Área Núcleo por Parche	MCA1	-0.913		4.570	
Numero de Áreas Núcleo	NCA	0.967		5.130	
Índice Modificado de Diversidad de Simpson	MSIDI	0.967		5.130	
Densidad de Riqueza de Parches	PRD		0.898		8.967
Índice de Equitatividad de Simpson	SIEI	0.913		4.570	

Los modelos generados con las puntuaciones factoriales extraídas de los primeros 2 componentes en las distintas escalas, muestran que no hay una respuesta de la riqueza, abundancias y diversidad (D) en las escalas de 100, 200 m. El modelo a 500 m y en la escala por zona demostró que hay una respuesta de la diversidad (D) hacia las métricas del paisaje siendo estadísticamente significativo ( $p=0.02$  y  $0.01$  respectivamente) con un ajuste mayor del 90%, y explican gran parte de la variabilidad de los datos. Sin embargo, el modelo que mejor explica la variabilidad de los datos según el AICC y la devianza es el modelo por zona (Cuadro 5).

Cuadro 5. GLMs variable dependiente Simpson (D), explicativas componentes 1 y 2.

Escala	P	Devianza	AIC	PsR <sup>2</sup>
100m	0.199	114	-11.039	0.254902
200m	0.301	123	-3.541	0.196078
500m	0.002	0.51	-19.87	0.996667
1000m	0.001	0.001	-16.414	0.978723

## DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos, muestran que nuestro esfuerzo de muestreo fue adecuado para caracterizar las comunidades de roedores de la región. Los distintos atributos de las comunidades (riqueza, composición, abundancias y diversidad) de los sitios conservados se asemejan más a las comunidades de la zona control RBC-C, que se caracteriza por ser un ecosistema de especies dominantes en donde la especie más abundante es *Liomys pictus* quien tiene una relación directa con el funcionamiento del BTS (Ceballos, 1990). A excepción del sitio Villa conservado donde la especie más abundante fue *Oryzomys couesi*. Sin embargo, este sitio a pesar de ser un remanente conservado de BTS tiene la particularidad de estar en contacto con una zona de inundación, lo cual coincide con la historia natural de la especie que tiene afinidad a los sistemas acuáticos (Ceballos, 1990).

Conforme aumenta el gradiente de degradación del hábitat se incluyen en la comunidad especies invasoras (*M. musculus*, *R. rattus*, *R. norvegicus*) y otras especies nativas que al parecer tienen un grado de tolerancia a la degradación como *B. musculus*, que no se colectó dentro de la zona control. Estos resultados sugieren que a una escala local (parche o fragmento) hay un efecto directo de la degradación del hábitat sobre las comunidades de roedores. Lo cual coincide con estudios anteriores en otras regiones del mundo (Pardini, 2004; Metzger et al., 2009; San-josé, Arroyo-rodríguez & Sánchez-cordero, 2014; Carrara et al., 2015) y principalmente se atribuye al efecto generado por la pérdida de la cobertura vegetal (Barrett & Peles, 1999; Ewers & Didham, 2006; Fischer & Lindenmayer, 2007).

Todas las especies nativas se registraron a lo largo de todo el gradiente, lo que nos sugiere que tienen un grado de tolerancia a la degradación del hábitat. Sin embargo, las especies invasoras sólo se registraron en zonas con mayor influencia de las actividades humanas, sin ser registradas en las zonas conservadas. Lo que de igual manera resalta la importancia de los factores intrínsecos de la historia natural de las especies nativas, ya que tienen las adaptaciones necesarias para sobrevivir a la estacionalidad de las condiciones climáticas tan marcada de la región, lo que se ha observado en otros grupos taxonómicos como los reptiles (Suazo-Ortuño *et al.*, 2015).

En cuanto a las métricas del paisaje y los resultados obtenidos por el PCA a 100 y 200 m, no se observó un agrupamiento entre los sitios, mientras que, a 500 m, se observó una agrupación entre sitios de la zona control RBC-C, sitios con mayor grado de degradación (potreros, asentamientos humanos) y el tercer grupo con los sitios conservados incluyendo a el sitio Chino poblado. Sumado a esto, no se encontró una respuesta de los atributos de las comunidades hacia las métricas del paisaje; lo que nos sugiere que el paisaje de la región es un paisaje variegado: el cual se define por un contraste gradual entre los bordes de la vegetación nativa y la vegetación circundante y es frecuentemente encontrado en las regiones con ganadería extensiva (Fischer & Lindenmayer, 2007).

Por esta razón no se observó un efecto de la degradación del hábitat a una escala más amplia que a nivel de parche o fragmento, ya que la calidad de la matriz ofrece mayor cantidad de recursos para las distintas especies encontradas en ella (Ewers & Didham, 2006). Además, favorece la conectividad en el paisaje facilitando la colonización, migración e inmigración de individuos (Fischer & Lindenmayer, 2007).

En la escala por zona, se encontraron diferencias en cuanto a la agrupación, siendo distintos los patrones observados en las métricas del paisaje de las cuatro zonas, en donde contraste principalmente la zona control de las demás. Sin embargo, también se observan diferencias entre las tres zonas de estudio; lo que sugiere que el impacto de las actividades humanas no es igual en este gradiente altitudinal. Esto coincide con el diferente uso de suelo de la región donde en la zona media-alta hay



mayor impacto por la ganadería y en la zona baja por las actividades agrícolas; mientras que en la zona media es menor el impacto de las actividades humanas (Sánchez-Azofeifa *et al.*, 2009; Portillo-Quintero, Sánchez-Azofeifa & do Espirito-Santo, 2013).

Sin embargo, aunque los modelos generados fueron significativos en cuanto a la respuesta de la riqueza y diversidad de especies, hacia los atributos del paisaje; el porcentaje de la variabilidad de los datos explicada por estos es bajo. Lo que sugiere nuevamente que hay una influencia de la degradación del hábitat por las actividades humanas sobre las comunidades de roedores, sin embargo, el caracterizarse como un paisaje variegado da soporte para que las comunidades de roedores prevalezcan en el ecosistema.

## **CONCLUSIONES**

Los resultados obtenidos demostraron que el efecto de la degradación del hábitat sobre las comunidades de roedores, se atribuye principalmente, a los cambios a nivel local sobre la pérdida de la cobertura vegetal. A una escala más amplia las actividades humanas influyen sobre éstas. Sin embargo, la configuración del paisaje amortigua dicha pérdida de cobertura vegetal lo que mantiene recursos para que las comunidades de roedores prevalezcan. Sumado a esto, la historia natural de las especies presentes en la región favorece su tolerancia al ecosistema.

Sin embargo, aunque se demostró que hay cierto grado de tolerancia de las especies de la región a la degradación del hábitat, no se sabe cómo están siendo afectadas por su cercanía a las actividades humanas, en otros aspectos como la transmisión de patógenos.

“Ciertamente es un hecho, que no puede ser controvertido, que la mayoría de las enfermedades que han hecho estragos en las islas durante mi residencia allí, han sido introducidas por los buques; y lo que hace que este hecho sea notable es que no aparece la enfermedad entre la tripulación del navío que lleva esta importación destructiva”.

—Charles Darwin, El viaje del Beagle 1839

## CAPÍTULO II

### Efectos de la degradación del hábitat sobre la dispersión de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* en la cuenca del río Cuitzmala, Jalisco.

#### INTRODUCCIÓN

Las actividades humanas han generado cambios rápidos y profundos en el paisaje terrestre (Foley *et al.*, 2005; Myers & Patz, 2011). El aumento de la población humana ha producido una explotación irracional de los recursos naturales, lo que ha degradado la condición de los ecosistemas (Foley *et al.*, 2005).

Para disponer de estos recursos se ha transformado gran parte de la superficie terrestre en zonas agrícolas, ganaderas y asentamientos humanos (Foley *et al.*, 2005; Haddad *et al.*, 2015). Esto ha generado grandes extensiones de paisajes contrastantes, donde se alteran las condiciones ambientales bióticas y abióticas. Esto trae consigo un desequilibrio generalizado de los ecosistemas (Foley *et al.*, 2005; Brearley *et al.*, 2013) y altera las interacciones como depredación, competencia y transmisión de enfermedades infecciosas (Fischer & Lindenmayer, 2007; Haddad *et al.*, 2015; Lewis *et al.*, 2016).

Cerca del 70% de los patógenos zoonóticos tienen su origen en la fauna silvestre (Jones *et al.*, 2008) y 26% de los patógenos humanos se pueden transmitir a los animales silvestres y domésticos (Brearley *et al.*, 2013). Actualmente se considera a las enfermedades infecciosas como la mayor amenaza para la salud pública, la economía sostenible y la conservación de la vida silvestre (Johnson, de Roode & Fenton, 2015). Además, se considera una problemática compleja de abordar por el peligro potencial que representan para las actividades pecuarias y las repercusiones económicas que pueden tener sobre estas (Cleaveland, Laurenson & Taylor, 2001).

Diversos autores han mencionado que la degradación del hábitat, generada por el cambio de uso de suelo, la fragmentación y pérdida del hábitat es el principal impulsor de la emergencia de enfermedades zoonóticas (Cleaveland, Laurenson &

Taylor, 2001; Myers & Patz, 2011; Huang *et al.*, 2016). Debido a los cambios que se generan en los patrones de distribución de especies y en la estructura de las comunidades, donde muchas veces se favorece la presencia de especies invasoras que pueden fungir como hospederos competentes, reservorios y vectores (Pongsiri *et al.*, 2009; Johnson, Ostfeld & Keesing, 2015; Seabloom *et al.*, 2015).

Los cambios biofísicos generados por esta degradación del hábitat permiten la persistencia de algunos patógenos en el ambiente (Estrada-Peña *et al.*, 2014). Ya que se generan las condiciones adecuadas para que estos puedan permanecer viables en el suelo y cuerpos de agua, principalmente; con el potencial de infectar a humanos, animales domésticos y silvestres (Baldursson & Karanis, 2011; Estrada-Peña *et al.*, 2014). Por ello es importante comprender cómo los cambios generados en el paisaje traen consigo posibles modificaciones en la dinámica de la transmisión de enfermedades. Además es necesario conocer las posibles sinergias existentes entre el cambio de uso de suelo y la emergencia de enfermedades (Myers & Patz, 2011).

Por otra parte, los cambios en la configuración del paisaje generan un impacto directo en la salud y adecuación de la fauna silvestre (Brearley *et al.*, 2013; Seabloom *et al.*, 2015), que complica su supervivencia en estos, se aumenta la susceptibilidad a nuevos patógenos y la posibilidad de que estos transmitan patógenos nuevos hacia los humanos y animales domésticos. (Brearley *et al.*, 2013; Estrada-Peña *et al.*, 2014).

Gran parte de los parásitos registrados hasta la fecha infectan a más de un hospedero, lo cual complica su estudio y manejo (Johnson, de Roode & Fenton, 2015). Los sistemas parásito-hospedero se consideran complejos debido la existencia de parásitos multi-hospedero. Por lo que es necesario implementar estudios de enfermedades infecciosas enfocados en ecología de comunidades. Para así obtener un panorama integral desde individuos, poblaciones y la interacción entre los distintos hospederos para comprender los impulsores y las consecuencias de los parásitos en la ecología de las comunidades (Johnson, de Roode & Fenton, 2015; Seabloom *et al.*, 2015).

*Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* son protozoarios cuya distribución se considera ubicua. Tienen el potencial de infectar a humanos, animales domésticos, aves, peces, reptiles y gran cantidad de mamíferos (Appelbee, Thompson & Olson, 2005; Feng, 2010). Se han reportado principalmente en países en vías de desarrollo (Baldursson & Karanis, 2011). Y su presencia en contextos rurales donde hay altas tasas de interacción entre los animales domésticos y silvestres es característica (Appelbee, Thompson & Olson, 2005; Bodager *et al.*, 2015).

Los quistes y ooquistes de ambos parásitos tienen la capacidad de permanecer viables en el ambiente y se ha reportado su presencia en distintos tipos de suelo y matrices vegetales (Carey, Lee & Trevors, 2004), además son resistentes a los desinfectantes (Robertson & Gjerde, 2007) y en paisajes altamente fragmentados tienen la facilidad de ser arrastrados a cuerpos de agua. Por ello se consideran dentro de los principales microorganismos patógenos transmitidos por agua que pueden causar brotes epidémicos en animales silvestres, domésticos y humanos (Cacciò *et al.*, 2005; Savioli, Smith & Thompson, 2006; Thompson, Palmer & O'Handley, 2008).

Estudios anteriores han demostrado la presencia de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* en la cuenca del Río Cuitzmala en el estado de Jalisco, México. Directamente en el cauce del río (Tapia-Palacios, 2012; Tapia-Palacios, 2016) así como en los roedores de la región (García-Suárez, 2013). Dicha cuenca se caracteriza por tener amplias extensiones de Bosque Tropical Seco (BTS). Además, se considera como zona de influencia para la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala la cual protege una extensión de 13142 ha de vegetación prístina. Sin embargo, esta región está siendo transformada principalmente por el aumento en las actividades agrícolas y ganaderas (Sánchez-Azofeifa *et al.*, 2009; Portillo-Quintero, Sánchez-Azofeifa & do Espirito-Santo, 2013).

Por estas razones el objetivo de este estudio es determinar si la degradación del hábitat en la cuenca del Río Cuitzmala influye en los arreglos de especies de las comunidades de roedores y a su vez en la presencia de *Giardia lamblia* y *Cryptosporidium parvum*.

## **PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN**

¿Puede la degradación del hábitat afectar la presencia de *C. parvum* y *G. lamblia* en las comunidades de roedores?, o ¿la presencia de estos parásitos responde a cambios en la estructura de las comunidades y factores intrínsecos de cada especie?

## **OBJETIVOS**

### **OBJETIVO PRINCIPAL**

Determinar cómo influye la transformación del hábitat a distintas escalas parche-fragmento y paisaje en los arreglos de especies de las comunidades de roedores que habitan en la cuenca del río Cuitzmala, Jalisco y en la presencia en estos de *Giardia lamblia* y *Cryptosporidium parvum*.

### **OBJETIVOS ESPECIFICOS**

1. Detectar la presencia de *Giardia lamblia* y *Cryptosporidium parvum* en las comunidades de roedores.
2. Determinar la prevalencia *Giardia lamblia* y *Cryptosporidium parvum* y su relación con la estructura de las comunidades de roedores.
3. Determinar si la transformación del hábitat tiene efecto en la presencia de *G. lamblia* y *C. parvum* en las comunidades de roedores a distintas escalas 100 m, 200 m, 1000 m y en las distintas zonas de la cuenca (alta, media y baja).

## **HIPÓTESIS**

La degradación del hábitat en la cuenca del río Cuitzmala generada por el cambio de uso de suelo (ganadería, agricultura y asentamientos humanos) altera la estructura del paisaje y tiene efectos no solo sobre las comunidades de roedores, sino también en la presencia de *Giardia lamblia* y *Cryptosporidium parvum* en asociación con estas comunidades.

## **PREDICIONES**

A mayor grado de transformación del hábitat mayor es la presencia, prevalencia y cargas de *Giardia lamblia* y *Cryptosporidium parvum* en las comunidades de roedores.

Los cambios en la riqueza, composición y diversidad de especies favorecen la presencia de *Giardia lamblia* y *Cryptosporidium parvum*, además de que la presencia de especies introducidas (*Mus musculus*, *Rattus rattus* y *Rattus norvegicus*) aumenta el peligro en la transmisión de estos parásitos.

## **MÉTODOS**

### **ZONA DE ESTUDIO**

El presente estudio se llevó a cabo en la cuenca del Río Cuitzmala, la cual se encuentra en la costa de Jalisco, la que se caracteriza por tener una de las mayores extensiones de BTS, además de ser una zona de influencia para la RBC-C (Trejo & Dirzo, 2000). Esta se ubica en los municipios de la Huerta y Villa Purificación, presenta un clima cálido-húmedo, con una marcada estacionalidad en donde de julio a octubre cae el 80% de la precipitación anual (Lott & Atkinson, 2002) y una temperatura que varía entre 15°C y 35°C (Bullock, 1986). El BTS domina en la región, con parches intercalados de selvas medianas y vegetación de ribera (Lott & Atkinson, 2002). Sin embargo, las actividades humanas en la región han transformado el paisaje generando un mosaico complejo de vegetación nativa,

zonas agrícolas, pastizales inducidos y asentamientos humanos (Burgos & Maass, 2004).

## **SITIOS DE MUESTREO**

La Cuenca del Río Cuitzmala se dividió en 4 zonas a partir de la zona media, según la división funcional de la cuenca (Mazari *et al.*, en preparación): media alta (700 msnm), media (400 msnm), baja (14msnm) y una zona control dentro de la RBC-C (vegetación nativa, prístina). Todas las zonas de muestreo se consideraron dentro del BTS para evitar que el tipo de vegetación influyera en la composición de especies. En cada zona se establecieron 3 sitios de muestreo en un gradiente de degradación del hábitat o pérdida de vegetación nativa: conservado (vegetación nativa), potrero-cultivo (vegetación inducida, pastizal y/o cultivo) y poblado o asentamientos humanos y se establecieron dos sitios dentro de la RBC-C contándolo como una zona control; obteniendo un total de 11 sitios de muestreo.

## **MÉTODOS DE CAMPO**

En cada sitio se colocaron cuadrantes de 10x10 trampas tipo Sherman (Sherman Inc. Florida), a una distancia de 10 m entre cada trampa. Las cuales fueron cebadas y se mantuvieron activas durante 3 noches consecutivas. Se realizaron tres muestreos durante el 2014, que correspondieron a enero (transición lluvias-secas), junio (estación seca) y septiembre (estación lluviosa). Los individuos capturados fueron identificados según los criterios de Ceballos y Miranda 2000, se les tomaron datos morfométricos y muestras de heces de manera directa que se almacenaron en PBS y en congelación hasta su análisis y posteriormente fueron liberados en el sitio de captura.

## **DETECCIÓN DE *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* POR INMUNOFLORESCENCIA INDIRECTA.**

Para el análisis de las heces se utilizó microscopía de inmunofluorescencia indirecta, con la técnica modificada de Tapia-Palacios, 2012 en la cual se diluyeron entre 0.01g y 0.17g de heces en 500µL en solución bufferada de fosfatos (PBS). Para la



técnica de diagnóstico se tomó la mitad de la muestra diluida y se utilizaron anticuerpos (A'c) monoclonales: mouse monoclonal IgG Anti-*Cryptosporidium parvum* 7631 y mouse monoclonal IgG<sub>3</sub> Anti-*Giardia lamblia* BDI276, de Santa Cruz Biotechnology combinados con un anticuerpo conjugado con fluoresceína, AffiniPureRabbit Anti-mouse IgG, (Jackson InmunoResearch) para la identificación de los ooquistes de *Cryptosporidium parvum* y quistes de *Giardia lamblia*. Además, se utilizó un control positivo y uno negativo (Merifluor *Cryptosporidium/Giardia* MeridiamBioscience, Inc.) para la corroboración del diagnóstico.

Se cuantificó la carga de quistes-ooquistes a los individuos positivos (Intensidad/Abundancia), expresada en el número de quistes-ooquistes/ml de sedimento concentrado (Bajer *et al.*, 2002). El resultado se multiplicó por dos (el factor de dilución) para obtener el número de quistes-ooquistes/ml; las muestras que tenían Intensidad/Abundancias incuantificables se diluyeron con un factor de dilución 1:100, para después multiplicar el resultado del diagnóstico por el factor de dilución por dos, para obtener el número de quistes-ooquistes/ml.

## **ANALISIS ESTADISTICOS**

Las prevalencias obtenidas se ponderaron centralizando el número de muestra, para no sobre estimar los valores de prevalencia en los grupos menos representados (Naing, Winn & Rusli, 2006). Se realizaron modelos lineales generalizados para evaluar la respuesta de la presencia de ambos protozoarios a la estructura de las comunidades (riqueza, diversidad  $\alpha$  y abundancias relativas) y a los atributos del paisaje (métricas del paisaje).

## **RESULTADOS**

Con el esfuerzo de muestreo realizado (29700 noches/trampa), se obtuvieron 1051 capturas. Se generaron curvas de rarefacción que nos indicaron que se realizó un esfuerzo de muestreo adecuado, con poca probabilidad de encontrar especies nuevas. De los 1051 individuos capturados se analizaron 159 muestras 15 por sitio

(cinco por cada campaña de muestreo) considerando las distintas especies capturadas en cada sitio.

Se encontraron 48 individuos positivos para *C. parvum* que representa una prevalencia del 30.1% y 44 individuos positivos para *G. lamblia* que representa una prevalencia de 27.6% del total de los individuos analizados. El rango de Intensidad/Abundancia encontrado para las cargas parasitarias de ambos protozoarios fue muy amplio, de 10-596800 ooquistes/ml con un promedio de 8106.7 ooquistes/ml por individuo para *C. parvum*. Mientras que para *G. lamblia* las cargas variaron en un rango entre 10-729300 quistes/ml con un promedio de 11581.4 quistes/ml por individuo.

La mayor prevalencia se encontró en *Rattus rattus* 64.9% (6 positivos/7 analizados), seguido de *Baiomys musculus* 55% (14 positivos/37 analizados), seguido de *Sigmodon alleni* con 48.9% (4 positivos/ 5 analizados) para ambos protozoarios. Dos especies: *Orizomys couesi* y *Sigmodon mascotensis* no fueron positivas a *G. lamblia* y *Hodomys alleni* no fue positiva a ninguno de los dos protozoarios, aunque solo se analizó un individuo de esta especie (Cuadro 6).

Cuadro 6. Prevalencia ponderada de *C. parvum* y *G. lamblia* por especie de roedores capturados en los sitios de muestreo en la cuenca del Río Cuitzmala.

	<i>C. parvum</i>			<i>G. lamblia</i>	
	Analizados	Positivos	Prev pond %	Positivos	Prev pond %
<i>Baiomys musculus</i>	37	14	56.028	14	56.028
<i>Hodomys alleni</i>	1	0	0	0	0
<i>Liomys pictus</i>	41	4	14.881	4	14.881
<i>Mus musculus</i>	7	1	10.823	1	10.823
<i>Oryzomys couesi</i>	13	2	15.792	0	0
<i>Oryzomys melanotis</i>	7	2	21.646	3	32.470
<i>Osgoodomys banderanus</i>	8	2	20.390	1	10.195
<i>Peromyscus perfulvus</i>	11	5	43.360	4	34.688
<i>Rattus norvegicus</i>	3	2	25.977	3	38.966
<i>Rattus rattus</i>	7	6	64.940	6	64.940
<i>Reithrodontomys fulvescens</i>	11	3	26.016	4	34.688
<i>Sigmodon alleni</i>	5	4	48.921	4	48.921
<i>Sigmodon mascotensis</i>	8	3	30.586	0	0

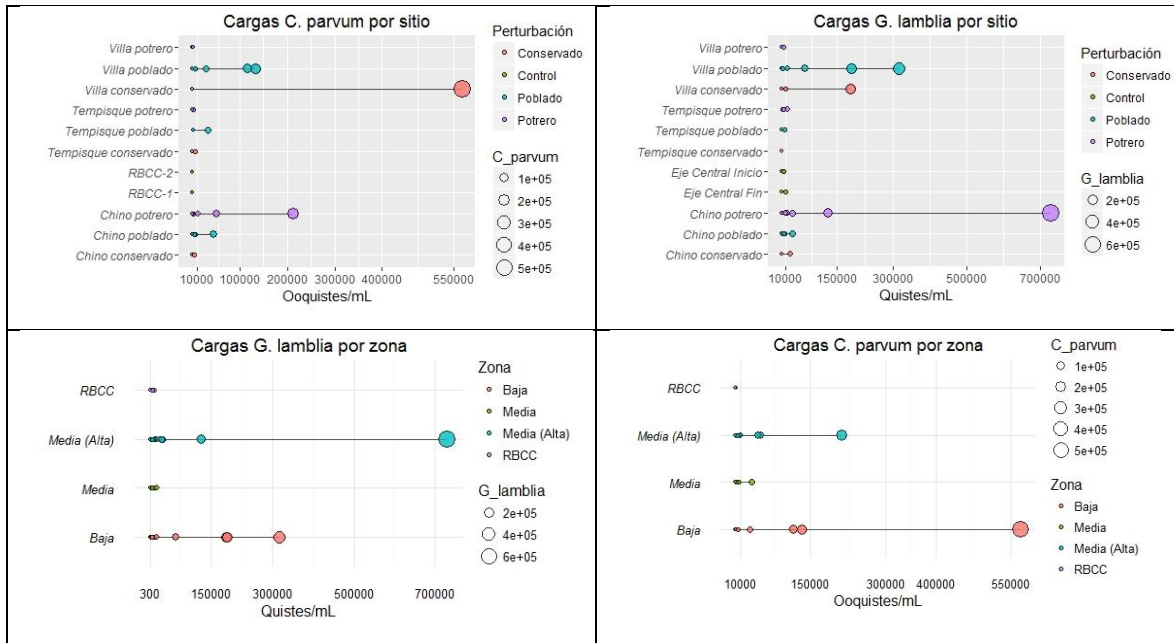
Consistente con los análisis de las comunidades, los sitios con algún grado de degradación presentan las prevalencias más altas, Chino potrero 60.9%, Villa poblado 58.7% y Chino poblado 52.2 para *C. parvum* y 58.7% para *G. lamblia* para ambos parásitos, a excepción del sitio Tempisque poblado que presenta prevalencias similares a los sitios control (Cuadro 7).

Cuadro 7. Prevalencia ponderada de *C. parvum* y *G. lamblia* por sitio de muestreo de roedores en la cuenca del Río Cuitzmala.

Sitio	<i>C. parvum</i>			<i>G. lamblia</i>	
	Analizados	Positivos	Prev pond %	Positivos	Prev pond %
Chino conservado	15	3	20.322	2	13.548
Chino poblado	16	8	52.206	9	58.731
Chino potrero	15	9	60.965	9	60.965
RBCC 2	15	2	13.548	2	13.548
RBCC 1	15	2	13.548	3	20.322
Tempisque conservado	17	3	18.890	1	6.297
Tempisque poblado	15	2	13.548	2	13.548
Tempisque potrero	11	5	40.063	3	24.038
Villa conservado	15	3	20.322	4	27.096
Villa poblado	10	7	58.800	7	58.800
Villa potrero	15	4	27.096	2	13.548

Las cargas (intensidad/abundancia) para ambos protozoarios por sitio cumplen el mismo patrón. Se encontraron las mayores cargas en el sitio Chino potrero; sin embargo, un individuo del sitio Villa conservado presentó cargas altas, fuera de este patrón (Figura 5).

Figura 5. Cargas (intervalo intensidad/abundancia) por sitio de muestreo, a) *C. parvum*, b) *G. lamblia*.



En la escala por zona, la zona media-alta presentó mayor prevalencia 46% para ambos parásitos, seguido por Fco. Villa con 35% para *C. parvum* y 32% para *G. lamblia* (Cuadro 8). Siendo consistente con las cargas encontradas para *G. lamblia* e intercambiando el orden para *C. parvum* (Figura 6)

Cuadro 8. Prevalencia ponderada por zona

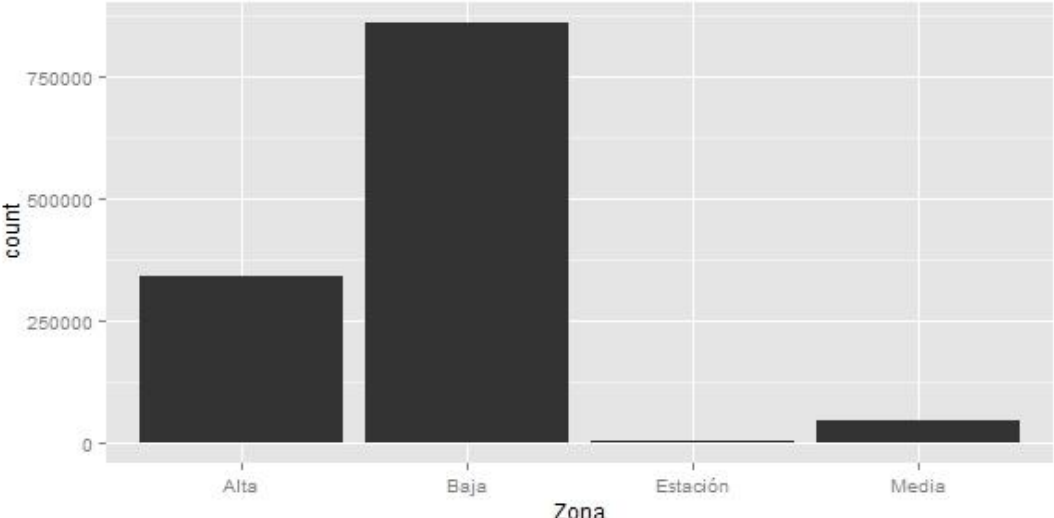
Zona	Analizados	<i>C. parvum</i>		<i>G. lamblia</i>	
		Positivos	Prev pond %	positivos	Prev pond %
Media-Alta	46	20	46.236	20	46.236
RBCC	30	4	11.704	5	14.630
Media	43	10	24.050	6	14.430
Baja	40	14	35.095	13	32.588

En cuanto a los modelos lineales generalizados, el modelo generado con los atributos de las comunidades fue significativo para la prevalencia ponderada de *C. parvum* ( $p=0.027$ ), que explican el 35% de la variabilidad de los datos. En cuanto a los modelos generados con los componentes 1 y 2 del PCA únicamente se encontró significativo el modelo a la escala de zona para la prevalencia ponderada de *C. parvum* ( $p=0.005$ ), que explican el 13% de la variabilidad de los datos (Cuadro 9).

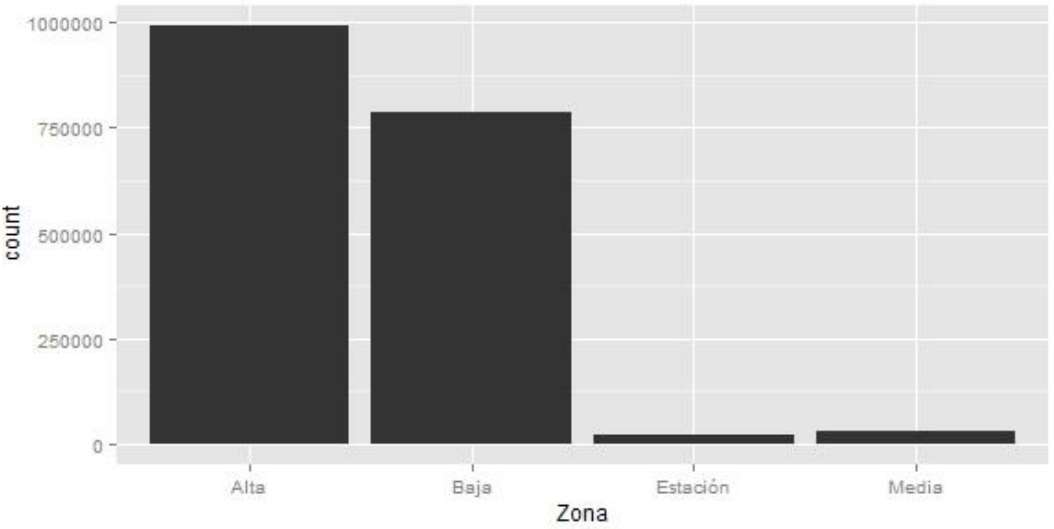
Cuadro 9. GLMs variables dependientes: prevalencia ponderada de *C. parvum* y *G. lamblia*; utilizando como variables explicativas: estructura de las comunidades y atributos del paisaje a distintas escalas.

	<i>C. parvum</i>				<i>G. lamblia</i>			
	P	Devianza	AIC	Pseudo R	P	Devianza	AIC	Pseudo R
Comunidad	0.027	2248.326	95.73	0.358716	0.223	3832.362	101.603	0.121255
100m	0.465	3050.053	101.092	0.149481	0.166	3662.649	101.105	0.160169
200m	0.116	2370.574	98.32	0.478957	0.077	2738.181	99.905	0.372146
500m	0.528	3121.444	101.346	0.123191	0.714	4101.921	104.351	0.059446
Zona	0.005	45.144	29.046	0.135665	0.089	211.918	35.231	0.702477

Figura 6. Cargas (intervalo intensidad/abundancia) por zona de la cuenca. a) cargas *C. parvum*, b) cargas *G. lamblia*



a)



b)

## DISCUSIÓN

De las 13 especies capturadas solo *Hodomys alleni* fue negativa a ambos protozoarios, además solo dos especies fueron negativas a la presencia de *G. lamblia* lo cual demuestra el potencial de ambos protozoarios de infectar una gran cantidad de especies, sobre todo mamíferos (Appelbee, Thompson & Olson, 2005; Fayer, 2010; Thompson & Smith, 2011). De los individuos positivos (48 a *C. parvum*, 44 a *G. lamblia*) 32 fueron positivos a ambos protozoarios, teniendo una mayor prevalencia para *C. parvum*; estos resultados concuerdan con el estudio de Bajer *et al.*, 2002, sugiriendo que este patrón de coinfección demuestra una estrecha relación entre ambos protozoarios, además destaca la importancia de los roedores para la supervivencia y diseminación de ambos parásitos (Donskow *et al.*, 2005).

Consistente con los resultados obtenidos en el capítulo anterior, en la escala de parche o fragmento los sitios conservados presentaron la menor prevalencia, sin embargo, los sitios con mayores prevalencias variaron entre potreros y poblados, sin un patrón claro, resultados similares presentados por Ziegler *et al.*, 2007 donde obtuvo mayores prevalencias de *C. parvum* en zonas con actividad agrícola y ganadera sugieren que la pérdida de la cobertura vegetal es un factor determinante en la transmisión de estos patógenos (Foley *et al.*, 2005; Myers & Patz, 2011; Brearley *et al.*, 2013; Estrada-Peña *et al.*, 2014). Sin embargo, en las cargas registradas en el sitio Villa conservado, se encontró un individuo con las mayores cargas registradas para *C. parvum* y también presenta cargas altas para *G. lamblia*, lo que nos sugiere que están involucrados factores intrínsecos a nivel individual y poblacional como el sexo y edad, implicadas en la transmisión de estos protozoarios (Brearley *et al.*, 2013); por lo las cargas parasitarias no siempre se pueden utilizar como indicadores de la salud de la población (Pedersen & Fenton, 2015).

Del mismo modo, las prevalencias por zona son consistentes con los resultados obtenidos en el capítulo uno, se detectó mayor prevalencia y cargas en la zona media-alta para ambos parásitos, seguido de la zona baja. Lo cual concuerda con el diferente uso de suelo de la región en donde mientras más alejado de la costa se observa mayor impacto por las actividades ganaderas a diferencia de la parte baja

de la cuenca donde prevalecen las actividades agrícolas; mientras que en la zona media es menor el impacto de las actividades humanas (Sánchez-Azofeifa et al., 2009; Portillo-Quintero, Sánchez-Azofeifa & do Espirito-Santo, 2013). Dichos resultados sugieren que el uso de suelo es importante en la presencia y transmisión de ambos parásitos, es independiente de la densidad humana (Ziegler et al., 2007); aumentando la presencia y por ende el riesgo de un brote en zonas con mayor densidad de ganado bovino (Jagai et al., 2010). Sin embargo, este patrón no solo ha sido reportado para *C. parvum* y *G. lamblia*, también otros patógenos de otros grupos como virus del Nipah, *Salmonella* y diversos helmintos (Foley et al., 2005; Myers & Patz, 2011), por lo que es necesario implementar estudios complementarios donde se establezcan posibles relaciones con otros agentes patógenos y su respuesta a este cambio de uso de suelo, tanto en animales silvestres como domésticos.

Sumado a esto se encontró evidencia de la influencia de los atributos de las comunidades sobre la presencia de *C. parvum* a diferencia de *G. lamblia* sugiere una relación más estrecha con los hospederos. Además la evidencia de la respuesta de *C. parvum* hacia los elementos del paisaje sugieren que hay un fenómeno de facilitación para la transmisión de este patógeno por parte de los elementos del paisaje, sin embargo, dicho fenómeno ha sido poco estudiado y validado solo con modelos teóricos (Eswarappa, Estrela & Brown, 2012; Huang et al., 2015), ya que es difícil separar el efecto que tiene la diversidad sobre la presencia de agentes patógenos de la influencia que tiene sobre la diversidad de hospederos (Eswarappa, Estrela & Brown, 2012; Leggett, Brown & Reece, 2014; Johnson, de Roode & Fenton, 2015).



## CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos demuestran que *C. parvum* y *G. lamblia* son especies que prevalecen en el sistema y tienen una gran capacidad de adaptación tanto al ambiente como a las especies que infectan, siendo los roedores un grupo importante para su presencia y diseminación. Sin embargo, se necesitan estudios complementarios para esclarecer la compleja epidemiología de ambas especies y caracterizar las vías de transmisión.

Además, se demostró que la degradación del hábitat favorece la presencia de ambos protozoarios en los animales silvestres, sobre todo en los sitios con un uso de suelo ganadero-agrícola. Por ello se tienen que desarrollar planes de manejo en la cuenca que integren elementos del paisaje como buffers de amortiguamiento, principalmente en la vegetación de ribera para evitar la diseminación de estos. Así mismo, por su importancia como parte de los principales agentes causantes de brotes de enfermedades transmitidas por agua, es necesario implementar un sistema de monitoreo en distintas especies y a distintas escalas; además de implementar un programa de vigilancia epidemiológica y asegurar una buena calidad del agua para los habitantes de la cuenca para minimizar el impacto que pueden tener en la salud pública como en la salud animal y la conservación

## BIBLIOGRAFÍA

- Appelbee AJ., Thompson RCA., Olson ME. 2005. Giardia and Cryptosporidium in mammalian wildlife--current status and future needs. *Trends in parasitology* 21:370–376. DOI: 10.1016/j.pt.2005.06.004.
- Aurambout JP., Endress AG., Deal BM. 2005. A spatial model to estimate habitat fragmentation and its consequences on long-term persistence of animal populations. *Environmental Monitoring and Assessment* 109:1–16. DOI: doi:10.1007/s10661-005-6266-1.
- Bajer a., Bednarska M., Pawełczyk a., Behnke JM., Gilbert FS., Sinski E. 2002. Prevalence and abundance of Cryptosporidium parvum and giardia spp. in wild rural rodents from the Mazury Lake District region of Poland. *Parasitology* 125:21–34. DOI: 10.1017/S0031182002001865.
- Baldursson S., Karanis P. 2011. Waterborne transmission of protozoan parasites: Review of worldwide outbreaks - An update 2004-2010. *Water Research* 45:6603–6614. DOI: 10.1016/j.watres.2011.10.013.
- Barrett GW., Peles JD. 1999. *Landscape ecology of small mammals*. New York: Springer Science & Business Media. DOI: DOI 10.1007/978-0-387-21622-5.
- Blaschke T. 2006. The role of the spatial dimension within the framework of sustainable landscapes and natural capital. *Landscape and Urban Planning* 75:198–226. DOI: 10.1016/j.landurbplan.2005.02.013.
- Bodager JR., Parsons MB., Wright PC., Rasambainarivo F., Roellig D., Xiao L., Gillespie TR. 2015. Complex epidemiology and zoonotic potential for Cryptosporidium suis in rural Madagascar. *Veterinary Parasitology* 207:140–143. DOI: 10.1016/j.vetpar.2014.11.013.
- Brearley G., Rhodes J., Bradley A., Baxter G., Seabrook L., Lunney D., Liu Y., Mcalpine C. 2013. Wildlife disease prevalence in human-modified landscapes. *Biological Reviews* 88:427–442. DOI: 10.1111/brv.12009.

- Bullock SH. 1986. Climate of Chamela, Jalisco, and trends in the south coastal region of Mexico. *Archives for Meteorology, Geophysics, and Bioclimatology Series B* 36:297–316. DOI: 10.1007/BF02263135.
- Burgos A., Maass JM. 2004. Vegetation change associated with land-use in tropical dry forest areas of Western Mexico. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 104:475–481. DOI: 10.1016/j.agee.2004.01.038.
- Cacciò SM., Thompson RCA., McLauchlin J., Smith H V. 2005. Unravelling Cryptosporidium and Giardia epidemiology. *Trends in Parasitology* 21:430–437. DOI: 10.1016/j.pt.2005.06.013.
- Carey CM., Lee H., Trevors JT. 2004. Biology, persistence and detection of Cryptosporidium parvum and Cryptosporidium hominis oocyst. *Water Research* 38:818–862. DOI: 10.1016/j.watres.2003.10.012.
- Carrara E., Arroyo-Rodríguez V., Vega-Rivera JH., Schondube JE., de Freitas SM., Fahrig L. 2015. Impact of landscape composition and configuration on forest specialist and generalist bird species in the fragmented Lacandona rainforest, Mexico. *Biological Conservation* 184:117–126. DOI: 10.1016/j.biocon.2015.01.014.
- Ceballos G. 1990. Comparative Natural History of Small Mammals from Tropical Forests in Western Mexico. *American Society of Mammalogist* 71:263–266.
- Ceballos G., Díaz-Pardo E., Espinosa H., Flores-Villela O., García A., Martínez L., Martínez-Meyer E., Navarro A., Ochoa L., Salazar I., Santos-Barrera G. 2008. Zonas críticas y de alto riesgo para la conservación de la biodiversidad de México. In: *Capital natural de México*. México: CONABIO, 575–600.
- Ceballos G., Miranda A., 2000 Guía de Campo de los Mamíferos de la Costa de Jalisco, México. Instituto de Ecología/Instituto de Biología, México.
- Ceballos G., Valenzuela D. 2010. Diversidad, ecología y conservación de los vertebrados de Latinoamérica. In: *Diversidad, amenazas y áreas prioritarias para la conservación de las selvas secas del Pacífico de México*. México:

CONABIO-UNAM, 119–144.

Chao, A., Gotelli, N.J., Hsieh, T.C., Sander, E.L., Ma, K.H., Colwell, R.K. & Ellison, A.M. (2014) Rarefaction and extrapolation with Hill numbers: a framework for sampling and estimation in species diversity studies. *Ecological Monographs* 84, 45-67.

CIGA, 2008, Cartografía de la cubierta vegetal y uso de suelo en la Cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco. Datos vectoriales, 1: 75 000.

Cleaveland S., Laurenson MK., Taylor LH. 2001. Diseases of humans and their domestic mammals: pathogen characteristics, host range and the risk of emergence. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 356:991–9. DOI: 10.1098/rstb.2001.0889.

Corry RC., Nassauer JI. 2005. Limitations of using landscape pattern indices to evaluate the ecological consequences of alternative plans and designs. *Landscape and Urban Planning* 72:265–280. DOI: 10.1016/j.landurbplan.2004.04.003.

Crutzen PJ. 2002. Geology of mankind. *Nature* 415:23. DOI: 10.1038/415023a.

Dirzo R., Raven PH. 2003. Global state of biofiversity and loss. *Annual Review of Environment and Resources* 28:137–167. DOI: 10.1146/annurev.energy.28.050302.105532.

Dirzo R., Young HS., Galetti M., Ceballos G., Isaac NJB., Collen B. 2014. Defaunation in the Anthropocene. *Science* 345:401–406. DOI: 10.1126/science.1251817.

Donskow K., Bajer A., Bednarska M., Sinski E. 2005. Experimental transmission of *Cryptosporidium parvum* isolates from wild rodents and calves to laboratory bred common voles (*Microtus arvalis*). *Acta Parasitologica* 50:19–24.

Eigenbrod F., Hecnar SJ., Fahrig L. 2011. Sub-optimal study design has major impacts on landscape-scale inference. *Biological Conservation* 144:298–305. DOI: 10.1016/j.biocon.2010.09.007.

- Estrada-Peña A., Ostfeld RS., Peterson AT., Poulin R., de la Fuente J. 2014. Effects of environmental change on zoonotic disease risk: An ecological primer. *Trends in Parasitology* 30:205–214. DOI: 10.1016/j.pt.2014.02.003.
- Eswarappa SM., Estrela S., Brown SP. 2012. Within-host dynamics of multi-species infections: Facilitation, competition and virulence. *PLoS ONE* 7. DOI: 10.1371/journal.pone.0038730.
- Ewers RM., Didham RK. 2006. Confounding factors in the detection of species responses to habitat fragmentation. *Biological Reviews* 81:117–142. DOI: 10.1017/S1464793105006949.
- Fayer R. 2010. Taxonomy and species delimitation in *Cryptosporidium*. *Experimental Parasitology* 124:90–97. DOI: 10.1016/j.exppara.2009.03.005.
- Feng Y. 2010. *Cryptosporidium* in wild placental mammals. *Experimental Parasitology* 124:128–137. DOI: 10.1016/j.exppara.2008.11.005.
- Fischer J., Lindenmayer DB. 2007. Landscape modification and habitat fragmentation: a synthesis. *Global Ecology and Biogeography* 16:265–280. DOI: 10.1111/j.1466-8238.2006.00287.x.
- Foley JA., Defries R., Asner GP., Barford C., Bonan G., Carpenter SR., Chapin FS., Coe MT., Daily GC., Gibbs HK., Helkowski JH., Holloway T., Howard E a., Kucharik CJ., Monfreda C., Patz JA., Prentice IC., Ramankutty N., Snyder PK. 2005. Global consequences of land use. *Science* 309:570–574. DOI: 10.1126/science.1111772.
- Garcia-Suarez O. 2013. Prevalencia de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* en comunidades de pequeños mamíferos en paisajes fragmentados a lo largo del Río Cuitzmala, Jalisco, México. Universidad Nacional Autónoma de México (Tesis de Licenciatura).
- Haddad NM., Brudvig LA., Clobert J., Davies KF., Gonzalez A., Holt RD., Lovejoy TE., Sexton JO., Austin MP., Collins CD., Cook WM., Damschen EI., Ewers

- RM., Foster BL., Jenkins CN., King AJ., Laurance WF., Levey DJ., Margules CR., Melbourne BA., Nicholls AO., Orrock JL., Song D., Townshend JR. 2015. Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth ' s ecosystems. *Science Advances*:1–9. DOI: 10.1126/sciadv.1500052.
- Huang ZYX., van Langevelde F., Prins HHT., de Boer WF. 2015. Dilution versus facilitation: Impact of connectivity on disease risk in metapopulations. *Journal of Theoretical Biology* 376:66–73. DOI: 10.1016/j.jtbi.2015.04.005.
- Huang ZYX., Van Langvelde F., Estrada-Peña A., Suzán G., De Boer WF. 2016. The diversity–disease relationship: evidence for and criticisms of the dilution effect. *Parasitology*:1–12. DOI: 10.1017/S0031182016000536.
- INEGI, 2013. Uso de suelo y vegetación. Datos vectoriales 1:25000, Serie V
- Jagai JS., Griffiths JK., Kirshen PH., Webb P., Naumova EN. 2010. Patterns of protozoan infections: Spatiotemporal associations with cattle density. *EcoHealth* 7:33–46. DOI: 10.1007/s10393-010-0286-1.
- Johnson PTJ., Ostfeld RS., Keesing F. 2015. Frontiers in research on biodiversity and disease. *Ecology Letters* 18:1119–1133. DOI: 10.1111/ele.12479.
- Johnson PTJ., de Roode JC., Fenton A. 2015. Why infectious disease research needs community ecology. *Science* 349:1259504. DOI: 10.1126/science.1259504.
- Jones KE., Patel NG., Levy M a., Storeygard A., Balk D., Gittleman JL., Daszak P. 2008. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 451:990–993. DOI: 10.1038/nature06536.
- Leggett HC., Brown SP., Reece SE. 2014. War and peace : social interactions in infections. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. DOI: 10.1098/rstb.2013.0365.
- Lewis JC., Jenkins KJ., Happe PJ., Manson DJ., McCalmon M. 2016. Landscape-scale habitat selection by fishers translocated to the Olympic Peninsula of Washington. *Forest Ecology and Management* 369:170–183. DOI:

10.1016/j.foreco.2016.02.032.

- Lott, E.J., Atkinson, T.H., 2002. Biodiversidad y fitogeografía de Chamela-Cuixmala, Jalisco. In *Historia Natural de Chamela*. Noguera, F. A., Vega, J. H., García, A. N. and Quesada, M. (Eds.), pp. 83-97. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Martínez-Ramos M., Ortiz-Rodríguez IA., Piñero D., Dirzo R., Sarukhán J. 2016. Anthropogenic disturbances jeopardize biodiversity conservation within tropical rainforest reserves. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 113:5323–5328. DOI: 10.1073/pnas.1602893113.
- Mazari-Hiriart M, Pérez-Ortiz G, Díaz-Frances E, Tapia Palacios MA, Benítez G, Ortega-Huerta MA, Espinosa-García AC. Land use and water quality assessment in a tropical socio-ecological system in Mexico's Pacific Coast, In preparation.
- McGarigal K., Tagil S., Cushman SA. 2009. Surface metrics: An alternative to patch metrics for the quantification of landscape structure. *Landscape Ecology* 24:433–450. DOI: 10.1007/s10980-009-9327-y.
- Metzger JP., Martensen AC., Dixo M., Bernacci LC., Ribeiro MC., Teixeira AMG., Pardini R. 2009. Time-lag in biological responses to landscape changes in a highly dynamic Atlantic forest region. *Biological Conservation* 142:1166–1177. DOI: 10.1016/j.biocon.2009.01.033.
- Myers SS., Patz JA. 2011. Land use change and human health. In: Nriagu JO ed. *Encyclopedia of Environmental Health*. Elsevier B.V., 396–404. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-444-52272-6.00166-5>.
- Naing L., Winn T., Rusli BN. 2006. Practical Issues in Calculating the Sample Size for Prevalence Studies. *Archives of Orofacial Sciences* 1:9–14.
- Opdam P., Steingrover E., Rooij S Van. 2006. Ecological networks: A spatial concept for multi-actor planning of sustainable landscapes. *Landscape and Urban Planning* 75:322–332. DOI: 10.1016/j.landurbplan.2005.02.015.

- Pardini R. 2004. Effects of forest fragmentation on small mammals in an Atlantic Forest landscape. *Biodiversity and Conservation* 13:2567–2586. DOI: 10.1023/B:BIOC.0000048452.18878.2d.
- Pedersen AB., Fenton A. 2015. The role of antiparasite treatment experiments in assessing the impact of parasites on wildlife. *Trends in Parasitology* 31:200–211. DOI: 10.1016/j.pt.2015.02.004.
- Pongsiri MJ., Roman J., Ezenwa VO., Goldberg TL., Koren HS., Newbold SC., Ostfeld RS., Pattanayak SK., Salkeld DJ. 2009. Biodiversity Loss Affects Global Disease Ecology. *BioScience* 59:945–954. DOI: 10.1525/bio.2009.59.11.6.
- Portillo-Quintero C., Sánchez-Azofeifa A., do Espírito-Santo MM. 2013. Monitoring deforestation with MODIS Active Fires in Neotropical dry forests: An analysis of local-scale assessments in Mexico, Brazil and Bolivia. *Journal of Arid Environments* 97:150–159. DOI: 10.1016/j.jaridenv.2013.06.002.
- R Development Core Team 2008. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, Available in URL <http://www.R-project.org>.
- Robertson LJ., Gjerde BK. 2007. Cryptosporidium oocysts: challenging adversaries? *Trends in Parasitology* 23:344–347. DOI: 10.1016/j.pt.2007.06.002.
- San-josé M., Arroyo-rodríguez V., Sánchez-cordero V. 2014. Association between small rodents and forest patch and landscape structure in the fragmented Lacandona rainforest , Mexico With the expansion of croplands , pastures , plantations , and urban areas in tropical forests , increasing. *Tropical Conservation Science* 7:403–422. DOI: 10.1177/194008291400700304.
- Sánchez-Azofeifa GA., Quesada M., Cuevas-Reyes P., Castillo A., Sánchez-Montoya G. 2009. Land cover and conservation in the area of influence of the Chamela-Cuixmala Biosphere Reserve, Mexico. *Forest Ecology and Management* 258:907–912. DOI: 10.1016/j.foreco.2008.10.030.



- Sanderson EW., Jaiteh M., Levy MA., Kent H., Wannebo A V., Woolmer G., Sanderson EW., Jaiteh M., Levy MA., Redford KH. 2002. The Human Footprint and the Last of the Wild. *BioScience* 52:891–904. DOI: [http://dx.doi.org/10.1641/0006-3568\(2002\)052\[0891:THFATL\]2.0.CO;2](http://dx.doi.org/10.1641/0006-3568(2002)052[0891:THFATL]2.0.CO;2) URL:
- Savioli L., Smith H., Thompson a. 2006. Giardia and Cryptosporidium join the “Neglected Diseases Initiative.” *Trends in Parasitology* 22:203–208. DOI: 10.1016/j.pt.2006.02.015.
- Seabloom EW., Borer ET., Gross K., Kendig AE., Lacroix C., Mitchell CE., Mordecai EA., Power AG. 2015. The community ecology of pathogens: Coinfection, coexistence and community composition. *Ecology Letters* 18:401–415. DOI: 10.1111/ele.12418.
- Steffen W., Sanderson A., Tyson PD., Jäger J., P.A. M., Moore III B., Oldfield F., Richardson K., Schellnhuber HJ., Turner II BL., Wasson RJ. 2004. *Global Change and the Earth System: a Planet Under Pressure*. New York: Springer Berlin Heidelberg New York.
- Suazo-Ortuño I., Alvarado-Díaz J., Mendoza E., López-Toledo L., Lara-Urbe N., Márquez-camargo C. 2015. High resilience of herpetofaunal communities in a human-modified tropical dry forest landscape in western Mexico Secondary forests are rapidly replacing mature primary forests in the tropics due to increasing. 8:396–423.
- Tanentzap AJ., Lamb A., Walker S., Farmer A. 2015. Resolving Conflicts between Agriculture and the Natural Environment. *PLoS Biology* 13:1–13. DOI: 10.1371/journal.pbio.1002242.
- Tapia-Palacios MA. 2012 Detección de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* en agua del Río Cuitzmala, Jalisco. Universidad Nacional Autónoma de México (Tesis de Licenciatura).
- Tapia-Palacios MA. 2016 Detección de *Cryptosporidium parvum* y *Giardia lamblia* en dos ecosistemas acuáticos contrastantes. Universidad Nacional Autónoma de México, Posgrado en Ciencias Biológicas. (Tesis de Maestría).

- Thompson RCA., Palmer CS., O'Handley R. 2008. The public health and clinical significance of Giardia and Cryptosporidium in domestic animals. *Veterinary journal* 177:18–25. DOI: 10.1016/j.tvjl.2007.09.022.
- Thompson RC a., Smith a. 2011. Zoonotic enteric protozoa. *Veterinary Parasitology* 182:70–78. DOI: 10.1016/j.vetpar.2011.07.016.
- Trejo I., Dirzo R. 2000. Deforestation of seasonally dry tropical forest a national and local analysis in México. *Biological Conservation* 94:133–142. DOI: 10.1016/S0006-3207(99)00188-3.
- Villard MA., Metzger JP. 2014. Beyond the fragmentation debate: A conceptual model to predict when habitat configuration really matters. *Journal of Applied Ecology* 51:309–318. DOI: 10.1111/1365-2664.12190.
- Woolmer G., Trombulak SC., Ray JC., Doran PJ., Anderson MG., Baldwin RF., Morgan A., Sanderson EW. 2008. Rescaling the Human Footprint: A tool for conservation planning at an ecoregional scale. *Landscape and Urban Planning* 87:42–53. DOI: 10.1016/j.landurbplan.2008.04.005.
- Ziegler PE., Wade SE., Schaaf SL., Stern D a., Nadeski C a., Mohammed HO. 2007. Prevalence of Cryptosporidium species in wildlife populations within a watershed landscape in southeastern New York State. *Veterinary Parasitology* 147:176–184. DOI: 10.1016/j.vetpar.2007.03.024.

## Anexo I

Especies de roedores capturadas en los sitios de muestreo en la Cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco.

	
<i>Hodomys alleni</i>	<i>Liomys pictus</i>
	
<i>Baiomys musculus</i>	<i>Osgoodomys banderanus</i>
	
<i>Peromyscus perfulvus</i>	<i>Reithrodontomys fulvescens</i> Fuente: CONABIO



*Oryzomys couesi* Fuente: CONABIO



*Sigmodon mascotensis* Fuente: CONABIO

*C. parvum* y *G. lamblia* detectados por inmunofluorescencia indirecta en muestras de heces de roedores de la Cuenca del Río Cuitzmala, Jalisco.

