Prevalencia y distribución espacial de mycoplasmosis en aves silvestres

Análisis de diversidad genética molecular y prevalencia de *Mycoplasma* en aves silvestres de la Sierra Gorda

OBJETIVO: Identificar zonas y especies de aves silvestres con alta y baja prevalencia de Mycoplasma y correlacionarla con zonas de alta diversidad de especies y diversidad genética de las poblaciones.

1. ÁREA DE ESTUDIO: SIERRA GORDA



2. DIVERSIDAD DE HÁBITATS



3. ESPECIES REPRESENTATIVAS DE AVES (SIERRA GORDA)



Importancia

- Alta riqueza y endemismo de aves
- Conectividad de ecosistemas y gradientes altitudinales
- Amenazas: pérdida de hábitat, cambio de uso de suelo, enfermedades

4. HIPÓTESIS

- La prevalencia de *Mycoplasma* spp. varía entre especies y zonas de la Sierra Gorda.
- Las zonas con mayor diversidad de especies presentan diferencias en la prevalencia de *Mycoplasma*.
- Existe correlación entre la diversidad genética de las poblaciones de aves y la prevalencia de *Mycoplasma*.

5. PREDICCIONES

- Especies generalistas y zonas perturbadas tendrán mayor prevalencia.
- Especies especialistas de hábitats conservados tendrán baja prevalencia.
- Zonas con alta diversidad de especies mostrarán patrones espaciales diferenciados de prevalencia.

6. PROTOCOLO DE TRABAJO DE CAMPO Y TOMA DE MUESTRAS



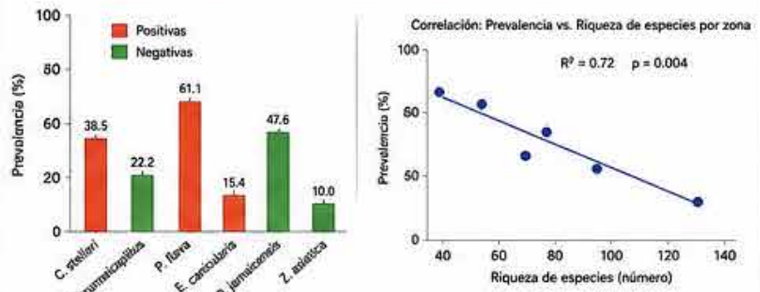
Datos registrados: Especie · Edad · Sexo · Peso (g) · Condición corporal · Coordenadas GPS · Hábitat · Fecha y hora · Muestra ID

7. PROTOCOLO DE ANÁLISIS DE LABORATORIO

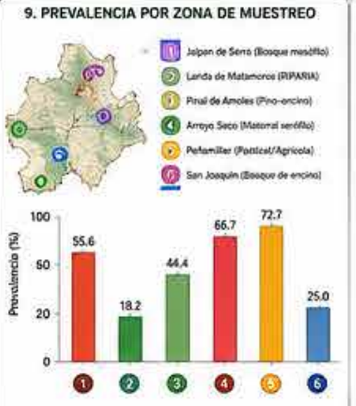


Muestras → ADN total → PCR / qPCR → Secuenciación → Análisis bioinformático

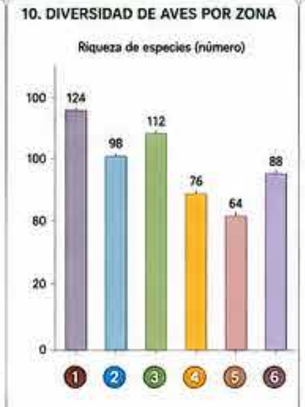
8. PREVALENCIA DE *Mycoplasma* POR ESPECIE (TODA LA SIERRA GORDA)



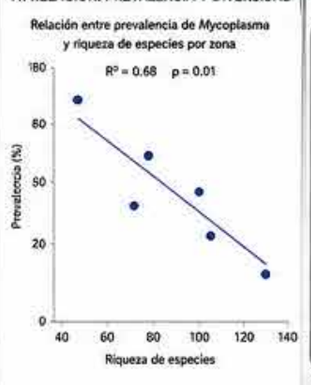
9. PREVALENCIA POR ZONA DE MUESTREO



10. DIVERSIDAD DE AVES POR ZONA



11. RELACIÓN: PREVALENCIA Y DIVERSIDAD



12. SISTEMA DE INFORMACIÓN Y BASE DE DATOS



13. PROTOCOLO DE ANÁLISIS ESTADÍSTICO

13.1 Exploración de datos
- Depuración y estandarización
- Análisis descriptivo
- Visualización de datos

13.2 Comparaciones entre grupos
- Chi-cuadrado o Fisher (prevalencia entre especies y zonas)
- ANOVA / Kruskal-Wallis (carga bacteriana qPCR entre grupos)

13.3 Modelos de asociación
- Regresión logística binaria (presencia/ausencia)
- Variables: especie, zona, hábitat, edad, sexo, condición corporal.

13.4 Diversidad genética
- Diversidad haplotípica (Hd)
- Diversidad nucleotídica (π)
- AMOVA entre zonas
- F_{ST} y flujo génico

13.5 Relación con diversidad de especies
- Correlación de Spearman/Pearson (prevalencia vs. riqueza)
- Regresión lineal / no lineal

13.6 Software
- R (vegan, lme4, ggplot2)
- SPSS / Jamovi
- Arlequin / DnaSP
- MEGA
- QGIS

14. RESULTADOS ESPERADOS

- ✓ Identificación de zonas y especies con alta y baja prevalencia.
- ✓ Mapas de riesgo y distribución espacial.
- ✓ Marcadores moleculares y haplotipos asociados.
- ✓ Recomendaciones para el monitoreo y manejo sanitario de aves silvestres.



15. APLICACIONES

Monitoreo sanitario de aves silvestres · Conservación de biodiversidad · Manejo de hábitats críticos · Prevención de enfermedades · Toma de decisiones basadas en evidencia

16. CONSIDERACIONES ÉTICAS Y LEGALES

- Permisos de colecta científica (SEMARNAT/CONANP).
- Cumplimiento de la NOM-059-SEMARNAT-2010.
- Bienestar animal y liberación inmediata.
- Confidencialidad y uso responsable de la información.

17. FLUJO GENERAL DEL PROYECTO

Planeación → Trabajo de campo → Muestreo → Análisis de laboratorio → Análisis de datos → Resultados y conservación