

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



DETERMINACION DE LA COMPOSICION ICTIOLOGICA EN LA RESERVA NATURAL
BAÑO DE SAN IGNACIO, LINARES, NUEVO LEÓN, MÉXICO.

POR

LBG. OZIEL OMAR MENA TORRES

COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRIA EN CONSERVACIÓN, FAUNA SILVESTRE Y SUSTENTABILIDAD

2025

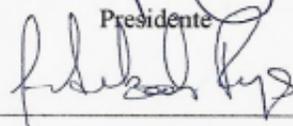
**DETERMINACION DE LA COMPOSICION
ICTIOLÓGICA EN LA RESERVA NATURAL BAÑO DE
SAN IGNACIO, LINARES, NUEVO LEÓN, MÉXICO.**

Comité de Tesis



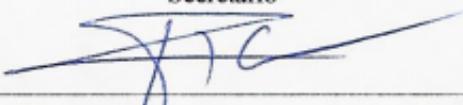
Dr. Antonio Guzmán Velasco

Presidente



Dr. José Ignacio González Rojas

Secretario



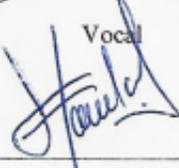
Dr. Iram Pablo Rodríguez Sánchez

Vocal



Dr. Erick Cristobal Oñate González

Vocal



Dra. Susana Favela Lara

Vocal

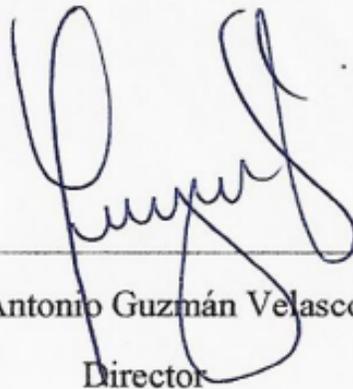


Dra. Katiushka Arevalo Niño
Subdirectora de Posgrado



**— DETERMINACION DE LA COMPOSICION
ICTIOLÓGICA EN LA RESERVA NATURAL BAÑO DE
SAN IGNACIO, LINARES, NUEVO LEÓN, MÉXICO.**

Dirección de Tesis



Dr. Antonio Guzmán Velasco
Director



Dra. Ana Laura Lara Rivera
Asesor Externo

DERECHOS RESERVADOS©

PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta Tesis está protegido, el uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material contenido que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde se obtuvo mencionando al autor o autores.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencia y Tecnología (CONAHCYT) por otorgar la beca que ha hecho posible la realización de mis estudios de Maestría en Conservación, Fauna Silvestre y Sustentabilidad.

Mi más sincero agradecimiento al Dr. Antonio Guzmán Velasco, Jefe del Laboratorio de Biología de la Conservación y Desarrollo Sostenible y director de tesis, por su confianza y apoyo incondicional, además del respaldo económico y académico que brindó para este proyecto. Con respeto y gratitud, gracias por todo.

Gracias también al Dr. José Ignacio González Rojas, Director de la Facultad de Ciencias Biológicas, por su gestión para facilitar el acceso al área de estudio de esta investigación.

Agradezco al Lic. Gerardo Guidi Kawas, Director General de Baños de San Ignacio A.C., por su autorización para realizar el muestreo y monitoreo de la emblemática Reserva Natural. Gracias por la confianza y apoyo en este proyecto y, sobre todo, por su compromiso con la conservación de la biodiversidad en Nuevo León.

Mi gratitud a la Dra. Susana Favela Lara, Coordinadora de la Maestría en Conservación, Fauna Silvestre y Sustentabilidad, por creer en mis capacidades para alcanzar este grado y por su apoyo como miembro del comité de tesis.

Al Centro de Resguardo para Peces en Peligro de Extinción y a su coordinador, el QBP. Joaquín Alberto Saucedo Zamora, por su ayuda en la obtención de materiales, transporte y personal de campo necesarios para este proyecto.

A todos los integrantes del equipo de campo: Joaquín Saucedo, Ana Laura Lara, Valeria Briones, Fernando Mora, Leslie Gonzalez, Dilan García, Eduardo Hernández, Fernando Chávez, Alan Hernández, Kevin Cruz, así como a los prestadores de servicio social, practicantes y becarios. Gracias por su esfuerzo, su compañía y sus ocurrencias, que hicieron este trabajo más ligero.

A mi asesora externa la Dra. Ana Laura Lara Rivera, por su apoyo y consejos como investigadora.

A la M.C. Leslie Gonzalez por su acompañamiento durante todo el tiempo de muestreo, por enseñarme todo acerca de la identificación taxonómica de peces, sin su valioso conocimiento no sería posible la realización de este documento.

DEDICATORIAS

A mis padres, Oscar Mena y Esther Torres, quienes siempre han sido mi mayor soporte y ejemplo. Su amor, sacrificio y apoyo incondicional me han dado la seguridad para soñar y el impulso para convertir esos sueños en logros. Les agradezco profundamente por enseñarme, con su ejemplo diario, el valor del esfuerzo, la perseverancia y la dedicación en todo lo que hago. Gracias por ser mi inspiración y mi ancla.

A mis hermanos, Derek Mena y Yerald Mena, mis cómplices de vida. Aunque a veces nuestras personalidades choquen, siempre encuentro en ustedes a grandes amigos y una fuente inagotable de apoyo y risas. Aprecio cada momento compartido, tanto los buenos como los desafiantes, ya que han fortalecido nuestro vínculo y me han enseñado el verdadero valor de la hermandad.

A mis abuelos, Eugenio Torres, Juan Mena, Aurora Garza y María Elena Hernández, quienes con su presencia y amor han sido una bendición en mi vida. Gracias a su sabiduría y cariño incondicional, he aprendido la importancia de la humildad, la gratitud y el respeto. Su compañía me llena de alegría, y sus enseñanzas son un tesoro invaluable que llevo en el corazón. Agradezco profundamente tenerlos conmigo en cada paso de mi camino.

A mi novia, Leslie González, cuya paciencia, amor y comprensión han sido pilares fundamentales en este viaje. Gracias por creer en mí incluso en los momentos más complicados, por tu apoyo constante y por brindarme esa fuerza que solo el amor puede dar. Tu compañía me motiva a seguir adelante, y cada logro es aún más especial por tenerte a mi lado.

A mis amigos y compañeros, en especial a Eduardo Escobedo, Leonardo “El inge” Morales, Alejandro Reséndez y Eduardo Pizaña. Gracias por su amistad sincera y por todos los momentos inolvidables que hemos compartido. Su apoyo, las risas y las experiencias vividas juntos me recuerdan la importancia de disfrutar cada paso del camino y valorar cada instante compartido.

Contenido

INTRODUCCIÓN	1
ANTECEDENTES	2
JUSTIFICACIÓN	6
HIPÓTESIS	7
OBJETIVOS	8
Objetivo general	8
Objetivos específicos	8
MATERIALES Y MÉTODOS	9
Área de estudio	9
Material biológico	12
Identificación taxonómica.	12
Identificación molecular	13
Extracción de ADN.....	13
Amplificación y secuenciación	13
Diversidad ictiológica.	13
RESULTADOS	15
Identificación taxonómica de la riqueza ictiológica	15
<i>Herichthys cyanoguttatus</i> (Baird & Girard, 1854)	15
<i>Mayaheros urophthalmus</i> (Günther, 1862).....	16
<i>Poecilia mexicana</i> (Steindachner, 1863)	16
<i>Gambusia affinis</i> (Baird & Girard, 1853)	16
<i>Cyprinodon bobmilleri</i> (Lozano-Vilano & Contreras-Balderas, 1993).....	17
Identificación molecular de la riqueza ictiológica	18
Diversidad ictiológica	18
DISCUSIÓN	24
CONCLUSIONES	28
PERSPECTIVAS	29
LITERATURA CITADA	30
ANEXOS	34

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Fechas de muestreo	12
Tabla 2. Oligonucleótidos utilizados para amplificar el gen de citocromo oxidasa I en peces.....	13
Tabla 3. Lista de especies identificadas taxonómicamente en las pozas termales del Baño de San Ignacio.	15
Tabla 4. Identificación molecular de los especímenes.....	18
Tabla 5. Resultados de la comparación entre sitios.	19
Tabla 6. Resultados de la comparación entre estaciones.	20

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Mapa de ubicación del área de estudio Reserva Natural Baño de San Ignacio, Nuevo León, México.....	9
Figura 2. Poza “Cachorrito”.....	10
Figura 3. Poza “La Palma”.....	11
Figura 4. Poza “Turquesa”.....	11
Figura 5. Riqueza ictiológica de ANPBSI por orden.....	19
Figura 6. Dendrograma de la diversidad ictiológica.....	21
Figura 7. Análisis NMDS por época.....	22
Figura 8. Análisis NMDS por poza.....	23

SIMBOLOS Y ABREVIATURAS

RN-BSI: Reserva Natural Baño de San Ignacio.

ANPBSI: Área Natural Protegida Baño de San Ignacio.

SEMARNAT: Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales.

NOM-059-SEMARNAT-2010: Norma Oficial Mexicana NOM-059 de SEMARNAT, edición 2010.

IPCC: Intergovernmental Panel on Climate Change.

BOLD: Barcode of Life Data Systems.

COI: Citocromo Oxidasa I.

PCR: Polymerase Chain Reaction.

TDS: Sólidos Disueltos Totales.

NMDS: Non-metric Multidimensional Scaling.

SIMPROF: Perfiles de similitud.

RESUMEN

La ictiofauna es un componente esencial en los ecosistemas globales, desempeñando un rol crucial en el mantenimiento del equilibrio ecológico y proporcionando una amplia gama de beneficios tanto directos como indirectos a las sociedades humanas. Sin embargo, esta biodiversidad enfrenta amenazas significativas debido a la degradación del hábitat, la contaminación, el cambio climático y la introducción de especies invasoras. El objetivo principal de este estudio fue evaluar la diversidad ictiológica a lo largo del tiempo en la Reserva Natural Baño de San Ignacio (RN-BSI) en Linares, Nuevo León, México. Para ello, se realizaron ocho muestreos entre julio de 2023 y abril de 2024, cubriendo todas las estaciones del año. En total, se identificaron cinco especies de peces en el área de estudio, pertenecientes a cinco géneros, tres familias y tres órdenes. Las especies identificadas incluyen *Herichthys cyanoguttatus* y *Poecilia mexicana*, que son nativas; *Mayaheros urophthalmus* y *Gambusia affinis*, que son introducidas; y *Cyprinodon bobmilleri*, que es endémica.

Los análisis estadísticos revelaron diferencias significativas en la diversidad de peces entre Isla Turquesa y La Palma, así como entre Cachorrito y La Palma. Sin embargo, no se encontraron diferencias significativas entre Isla Turquesa y Cachorrito. La presencia de especies introducidas como *Mayaheros urophthalmus* y *Gambusia affinis* representa un riesgo para el ecosistema local, ya que estas especies pueden desplazar a las especies nativas y alterar el equilibrio ecológico.

ABSTRACT

Ichthyofauna constitutes a crucial component within global ecosystems, playing an indispensable role in maintaining ecological balance and offering a wide range of direct and indirect benefits to human societies. However, this biodiversity is significantly threatened by habitat degradation, pollution, climate change, and the introduction of invasive species. The primary objective of this study is to evaluate ichthyological diversity over time in the Baño de San Ignacio Natural Reserve (RN-BSI) in Linares, Nuevo León, Mexico. To achieve this, eight sampling events were conducted between July 2023 and April 2024, covering all seasons of the year. A total of five fish species were identified in the study area, belonging to five genera, three families, and three orders. The identified species include *Herichthys cyanoguttatus* and *Poecilia mexicana*, which are native; *Mayaheros urophthalmus* and *Gambusia affinis*, which are introduced; and *Cyprinodon bobmilleri*, which is endemic.

Statistical analyses revealed significant differences in fish diversity between Isla Turquesa and La Palma, as well as between Cachorrito and La Palma. However, no significant differences were found between Isla Turquesa and Cachorrito. The presence of introduced species such as *Mayaheros urophthalmus* and *Gambusia affinis* poses a risk to the local ecosystem, as these species can displace native species and alter the ecological balance.

INTRODUCCIÓN

La ictiofauna constituye un elemento crucial dentro de los ecosistemas globales, desempeñando un papel indispensable en el sostenimiento del equilibrio ecológico y otorgando una amplia gama de beneficios tanto directos como indirectos a las sociedades humanas. Esta biodiversidad se encuentra actualmente amenazada por varios factores, incluyendo la degradación del hábitat, la contaminación, el cambio climático y la introducción de especies invasoras. Los impactos adversos del cambio climático y las actividades antropogénicas sobre la biodiversidad de peces son claramente perceptibles; las prácticas agrícolas y ganaderas contribuyen a la contaminación que compromete la calidad del agua a través del escurrimiento de pesticidas y agroquímicos hacia las fuentes acuáticas; además, la desviación de agua para fines de riego conduce a una disminución significativa en los niveles de agua de los manantiales. La sobrepesca y la introducción de especies exóticas también representan amenazas significativas para las poblaciones nativas de ictiofauna. Cuantificar con precisión los efectos o las tasas de extinción de especies de peces presenta desafíos considerables. Esta dificultad proviene principalmente de una comprensión incompleta de la ictiofauna a través de varias cuencas hidrográficas. En consecuencia, existe una necesidad urgente de estudios complejos y exhaustivos centrados en la dinámica de estos ecosistemas acuáticos con el fin de formular estrategias de conservación efectivas dirigidas a mitigar los impactos de las actividades humanas. El código de barras de ADN emerge como una potente metodología molecular, habiendo demostrado eficacia en la identificación de un amplio espectro de especies, incluidos los peces. Esta técnica ofrece un enfoque rápido y preciso para la delimitación de especies. La presente investigación contribuye a la base de conocimiento de la ictiofauna del área natural protegida conocida como "Baño de San Ignacio", permitiendo la elucidación de la diversidad y riqueza de especies, y la generación de códigos de barras de ADN. Este estudio se centra en elucidar la diversidad y riqueza de especies de peces dentro de este ecosistema único, proporcionando una base esencial para futuras acciones de conservación y manejo sustentable.

ANTECEDENTES

El Área Natural Protegida Baño de San Ignacio, situada en Linares, Nuevo León, destaca por su intrincada configuración ecológica, compuesta por múltiples unidades geomorfológicas y ecosistemas acuáticos que sustentan una notable biodiversidad. Catalogada como un humedal de importancia internacional según el Convenio de Ramsar en 2009, esta área encapsula manantiales hidrotermales y zonas húmedas esenciales para el mantenimiento de la biodiversidad tanto acuática como terrestre (SEMARNAT, 2010). La heterogeneidad de ambientes dentro de la RN-BSI favorece la proliferación de nichos ecológicos únicos, apoyando diversas comunidades biológicas, entre ellas, especies de peces endémicas.

Particularmente, un respiradero hidrotermal dentro de la reserva, con registros térmicos de 34.5°C a 37°C y un sedimento compuesto por limo y carbonatos hasta una profundidad de 7.5 metros, refleja la excepcionalidad hidrogeológica del sitio (Anderson, 1984). La coexistencia de estromatolitos y una amplia gama de gasterópodos en sectores menos profundos del manantial enfatiza la significancia biológica y ecológica de la localidad.

Respecto a la ictiofauna endémica del sitio, esta incluye especímenes como *Astyanax mexicanus* ("tetra mexicana"), *Cyprinodon nv. sp.* ("cachorrillo"), *Fundulus ca. grandis* ("sardinilla"), *Poecilia ca. formosa* ("molly"), y *Cichlasoma nv. sp.* ("mojarrita") (RAMSAR, 2009). La ausencia de identificación taxonómica detallada y su omisión en la NOM-059-SEMARNAT-2010 ilustran un vacío en el entendimiento científico, marcando una imperiosa necesidad de investigaciones profundas para su identificación y preservación adecuadas (RAMSAR, 2009; SEMARNAT, 2010).

El Área Natural Protegida Baño de San Ignacio, pese a ser reserva ecológica, enfrenta desafíos sustanciales que comprometen su estabilidad ecológica, derivados del cambio climático, la contaminación y actividades antropogénicas, como la urbanización, la agricultura intensiva y la industrialización. Estas intervenciones humanas inducen alteraciones significativas en los ecosistemas acuáticos, deteriorando la calidad del agua, modificando hábitats y perturbando los ciclos hidrológicos, lo que impone una considerable presión sobre la biodiversidad acuática. En particular, el cambio climático, potenciado por las emisiones de gases de efecto invernadero, promueve el calentamiento global con

consecuencias directas sobre la distribución y abundancia de la ictiofauna, modificando patrones de precipitación y escalando la frecuencia de fenómenos climáticos extremos (*Intergovernmental Panel on Climate Change [IPCC], 2014*).

Adicionalmente, la introducción de especies invasoras emerge como factor crítico que exagera el declive de las poblaciones de peces, afectando negativamente la diversidad y riqueza de especies, así como la estructura y funcionalidad de las comunidades acuáticas (Mooney y Cleland, 2001; Galvis y Mojica, 2007). Comprender la estructura comunitaria de los peces y sus dinámicas poblacionales es requisito indispensable para contrarrestar estos desafíos, asegurando la preservación y el manejo sostenible de la biodiversidad ictiológica dentro del RN-BSI. Paralelamente, las especies invasoras introducidas, ya sea intencionalmente para la acuicultura o accidentalmente a través de actividades comerciales, representan una amenaza significativa para las especies nativas, con el potencial de alterar las dinámicas ecológicas y la integridad de los ecosistemas (Mooney y Cleland, 2001).

Con respecto a la sobrepesca, ésta ha emergido como un factor crítico que contribuye al declive de poblaciones de peces, impactando la sostenibilidad de los recursos pesqueros debido a que esta práctica no solo afecta la diversidad de especies, sino que también tiene implicaciones en la estructura de las comunidades acuáticas y los procesos ecosistémicos.

La evaluación de la biodiversidad acuática y la cuantificación precisa de las tasas de extinción se ven obstaculizadas por la naturaleza dinámica y compleja de los ecosistemas acuáticos. La variabilidad intrínseca de estos ecosistemas, junto con la falta de monitoreo sistemático y datos de referencia para muchas especies, complica la identificación de patrones de biodiversidad y tendencias de extinción. Este desafío es particularmente evidente en regiones biodiversas, pero poco estudiadas, donde la información detallada sobre la ictiofauna es esencial para la conservación efectiva (Mojica *et al.*, 2012).

La integración de técnicas moleculares avanzadas, en particular el desarrollo del código de barras de ADN ha marcado un hito transformador en la taxonomía y la conservación de la biodiversidad ictiológica. Esta metodología no solo ha revolucionado la capacidad de identificar con precisión especies, incluyendo aquellas crípticas y anteriormente no catalogadas, sino que también ha mejorado significativamente la detección de especies invasoras y el seguimiento de la biodiversidad a nivel global (Hebert *et al.*, 2003). Su

aplicación en el Área Natural Protegida Baño de San Ignacio (RN-BSI) promete enriquecer sustancialmente el inventario ictiológico de la región, contribuyendo de manera crucial al acervo científico internacional y fortaleciendo las estrategias de conservación.

La utilidad de los códigos de barras para la conservación de la diversidad ictiológica puede observarse en diversos ejemplos. Uno de ellos es la identificación certera de 58 especies nativas e introducidas en el Río Murray-Darling en Australia (Hardy *et al.*, 2011). En este trabajo, el código de barras de ADN también permitió distinguir entre poblaciones de sitios adyacentes. Según este trabajo, el uso de código de barras de ADN mejorará la capacidad en muchas áreas de la biología de la conservación de peces que pueden beneficiarse de un mejor conocimiento de la procedencia genética de los individuos y es una herramienta útil para el planteamiento de proyectos como programas de cría en cautividad y repoblación, los estudios sobre el ciclo vital y la investigación ecológica de las interacciones entre poblaciones de especies autóctonas y exóticas. El uso de la tecnología de código de barras de ADN es especialmente útil en casos donde no se cuenta con expertos taxónomos para identificar peces a nivel de especie. Este caso es expuesto por Swartz *et al.* (2008) en el sentido de que el código de barras de ADN puede facilitar la colaboración entre biólogos de campo, colecciones de referencia e instalaciones de secuenciación para acelerar el proceso de identificación de especies y las evaluaciones de diversidad, siempre que los vales de especímenes, los tejidos, las fotografías del espécimen y las secuencias de ADN estén claramente vinculados. El poder del código de barras de ADN como una herramienta para la biodiversidad y la conservación ha sido demostrado también en poblaciones de peces del mediterráneo (Karahan *et al.*, 2017), donde se lograron identificar 110 especies marinas, de las cuales se identificaron 75 nativas y 35 migratorias; sus resultados proveen el fundamento para la identificación de especies invasoras y la conservación de la diversidad ictiológica del Mediterráneo.

El código de barras de ADN es una herramienta importante en la ciencia forense y la conservación de la vida silvestre. Puede utilizarse para identificar tortugas marinas en peligro mediante la evaluación de la carne, los cadáveres o los huevos de tortuga que son objeto de comercio ilegal (Vargas *et al.*, 2009). El código de barras del ADN puede ser muy eficaz para los estudios filogénicos moleculares, la distribución geográfica y la conservación de la

biodiversidad marina. También puede utilizarse para el control de plagas y enfermedades. Con los recientes avances en la investigación de las profundidades marinas y la revelación de que varios organismos de aguas profundas poseen extraordinarias propiedades farmacéuticas, el código de barras de ADN de organismos de aguas profundas ha ganado atención mundial. La facilidad de uso de los códigos de barras de ADN es también una ventaja añadida y puede utilizarse eficazmente para la evaluación de la biodiversidad marina, la gestión de la pesca y la conservación (Pérez1-Huete y Quezada, 2013). El código de barras del ADN es útil no sólo para identificar peces enteros, sino también larvas, huevos, filetes, aletas u otros fragmentos del cuerpo difíciles de identificar por su morfología. Esta técnica molecular se utilizó para identificar aletas de tiburón confiscadas a pescadores ilegales en Australia (Holmes et al., 2009). La demanda de peces ornamentales está aumentando rápidamente en todo el mundo. El análisis del gen COI de 391 especies de peces ornamentales de 8 ubicaciones de arrecifes de coral reveló que la mayoría (98%) de estas especies pertenecían a grupos de códigos de barras distintos (Steinke *et al.*, 2009a, Steinke *et al.*, 2009b).

Por lo anterior, puede afirmarse que el código de barras de ADN permite identificar rápidamente y precisa la diversidad de especies, lo que la convierte en una herramienta invaluable, facilitando la compilación de bases de datos genéticos esenciales para conservar y manejar sostenible la biodiversidad acuática.

JUSTIFICACIÓN

El Área Natural Protegida Baño de San Ignacio representa un ecosistema acuático de inestimable valor ecológico y biológico, albergando una diversidad de especies ictiológicas, muchas de las cuales son endémicas y/o están en categorías de riesgo. A pesar de su importancia, las crecientes intervenciones humanas y el cambio climático están ejerciendo presión sobre este ecosistema, amenazando tanto su estructura como la subsistencia de las especies que alberga. Para apoyar estrategias de conservación adecuadas, es esencial llevar a cabo un análisis profundo de la diversidad y la composición de especies de peces, lo cual permitirá entender mejor la interacción entre las diferentes especies acuáticas. Además, la implementación de técnicas moleculares avanzadas, como el código de barras de ADN, permitirá superar las limitaciones taxonómicas existentes y mejorar significativamente el conocimiento sobre la biodiversidad local. Este trabajo contribuirá no sólo al conocimiento científico, sino también a la conservación de un patrimonio natural relevante, asegurando su protección para futuras generaciones y promoviendo un manejo ambiental informado y sustentable.

HIPÓTESIS

La diversidad de especies ictiológicas en el Área Natural Protegida Baño de San Ignacio puede ser caracterizada usando técnicas moleculares y su riqueza puede asociarse a patrones temporales y espaciales.

OBJETIVOS

Objetivo general

Evaluar la diversidad ictiológica a través del tiempo en la Reserva Natural Baño de San Ignacio (RN-BSI) en Linares, Nuevo León, México

Objetivos específicos

1. Identificar las especies presentes en el área de estudio mediante métodos taxonómicos tradicionales y la tecnología de código de barras en la plataforma BoldSystems.
2. Comparar la diversidad de especies entre pozas dentro de la RN-BSI
3. Evaluar la variación temporal de la diversidad ictiológica

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio

La reserva natural Baño de San Ignacio, también conocida como RN-BSI (Figura 1), está situada en Linares, Nuevo León, en la parte baja del valle, aproximadamente a 21 km al oriente del municipio, dentro de la geografía natural de la llanura y provincia de Lomeríos. El ecosistema se divide en cinco unidades ecológicas más pequeñas, según sus características geomorfológicas, que incluyen pastizales naturales inundables y no inundables, bosques espinosos, matorrales de lino de tamaño mediano y zonas agrícolas (Cantú *et al.*, 1994).

El área de estudio está ubicada en la provincia fisiográfica de la Llanura Costera del Golfo, la cual contiene las discontinuidades fisiográficas de las Sierras de San Carlos y Tamaulipas. La cuenca del RN-BSI se encuentra en el antiguo valle del río Pabillo, un valle somero con una anchura de 3 a 4 km y orientación Oeste-Este. En esta zona, hay un manantial hidrotermal en forma de laguna con temperaturas registradas entre 34.5°C y 37°C (Anderson, 1984). El manantial tiene una superficie de alrededor de 2,500 m² y una profundidad máxima de 7.5 m en forma de cono invertido y truncado con su fondo y bordes inclinados. El fondo de la laguna consiste en limos y carbonatos en suspensión debido a la presión del agua saliente de los poros.

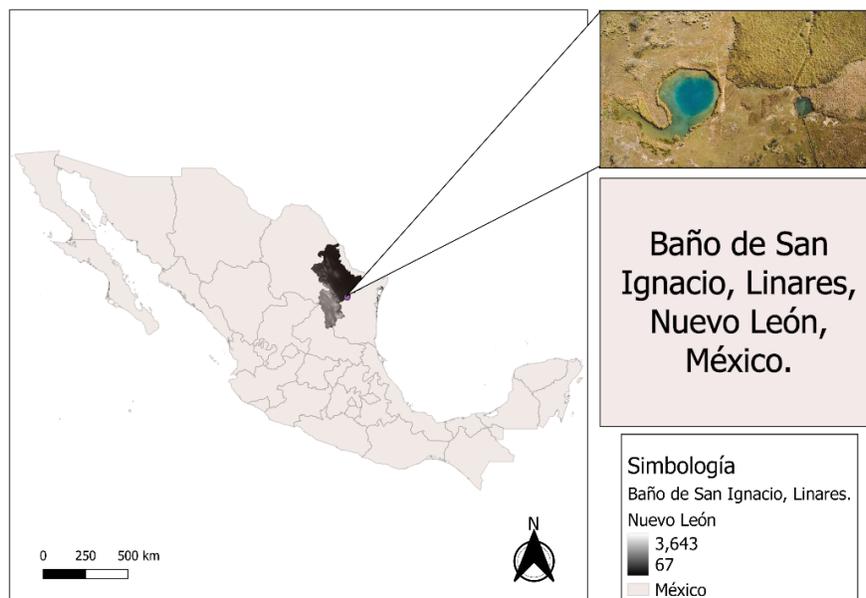


Figura 1. Mapa de ubicación del área de estudio Reserva Natural Baño de San Ignacio, Nuevo León, México.



Figura 2. Poza “Cachorrito”.



Figura 3. Poza “La Palma”.



Figura 4. Poza “Turquesa”.

Material biológico

La toma de muestras se llevó a cabo mensualmente, con una duración total de 8 horas por evento de muestreo (Tabla 1). El procedimiento de captura de los individuos se realizó mediante el uso de redes de tipo "chinchorro", trampas tipo "Minnow" (Ver anexos) y redes de mano, abarcando la totalidad de las pozas dada su limitada extensión. Una vez desplegadas las redes, los especímenes capturados fueron contados y algunos fueron preservados en solución de etanol para su posterior procesamiento. Los especímenes fueron colocados en una solución con aceite de clavo como anestésico, misma que provocó la muerte de los organismos tras un periodo de adormecimiento.

Tabla 1. Fechas de muestreo

Día	Mes	Año
28	Julio	2023
25	Agosto	2023
20	Octubre	2023
20	Noviembre	2023
15	Diciembre	2023
19	Enero	2024
1	Marzo	2024
12	Abril	2024

Identificación taxonómica.

La determinación taxonómica se llevó a cabo con la ayuda de claves descriptivas del libro "Peces dulceacuícolas de México" (Miller et al., 2009) y la colección de referencia del Departamento de Zoología de Vertebrados, Laboratorio de Ictiología, Facultad de Ciencias Biológicas, UANL.

Identificación molecular

Extracción de ADN

Se tomó un fragmento de tejido muscular de los ejemplares colectados. El ADN se extrajo a partir de la digestión de músculo del pedúnculo caudal, con proteinasa K, utilizando el kit de extracción de ADN para fluidos y células Quick-DNA™ Microprep Plus Kit siguiendo las instrucciones del flujo de trabajo del fabricante. El ADN genómico se visualizó en gel de agarosa al 1 % y se almacenó a -20 °C.

Amplificación y secuenciación

Se amplificó un fragmento de 650 pb del gen mitocondrial citocromo oxidasa I (COI), para ello se usó un cóctel de oligonucleótidos propuestos por Ivanovna *et al.* (2007) los cuales han sido reportados para amplificar la región en peces (Tabla 2)

Tabla 2. Oligonucleótidos utilizados para amplificar el gen de citocromo oxidasa I en peces.

Nombre	Secuencia del oligonucleótido	Dirección
VF2_t1	TGTA ^{M3} AAACGACGGCCAGTCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC	Forward
FishF2_t1	TGTA ^{M3} AAACGACGGCCAGTCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC	Forward
FishR2_t1	CAGGAAACAGCTATGACACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA	Reverse
FR1d_t1	CAGGAAACAGCTATGACACCTCAGGGTGTCCGAARAAYCARAA	Reverse
En sombreado se muestra la cola M3 añadida con fines de secuenciación		

Diversidad ictiológica.

Se realizó un análisis de similitud en la estructura de los datos utilizando varios paquetes de R, específicamente “vegan” y “clustsig”. El paquete “vegan” es ampliamente utilizado en ecología para el análisis de la diversidad y la disimilitud entre muestras. La función “vegdist” proporciona varios métodos para calcular distancias y disimilitudes, siendo Bray-Curtis una de las opciones más utilizadas. Por otro lado, el paquete “clustsig” se utiliza para realizar análisis de significancia en agrupaciones. También se realizó un análisis de perfiles de similitud (SIMPROF) utilizando la función “simprof” del paquete “clustsig”. Además, se utilizó la prueba pairwise.adonis para comparar la variabilidad entre diferentes grupos de

muestras (Pozas y Épocas) basados en un conjunto de datos multivariantes. Finalmente, se realizó un análisis de Escalamiento Multidimensional No Métrico (NMDS) para visualizar la disimilitud entre muestras de diferentes pozas basadas en datos transformados (Ver Anexos).

RESULTADOS

Identificación taxonómica de la riqueza ictiológica

Se identificaron un total de cinco especies de peces en el área de estudio, pertenecientes a cinco géneros, tres familias y tres órdenes. Las especies registradas incluyen tanto especies endémicas como introducidas. En la tabla 3 se presenta la lista de las especies encontradas.

Tabla 3. Lista de especies identificadas taxonómicamente en las pozas termales del Baño de San Ignacio.

Orden	Familia	Género	Especie	Carácter
Perciformes	<i>Cichlidae</i>	<i>Herichthys</i>	<i>cyanoguttatus</i>	Nativa
Perciformes	<i>Cichlidae</i>	<i>Mayaheros</i>	<i>urophthalmus</i>	Introducida
Cyprinodontiformes	<i>Poeciliidae</i>	<i>Poecilia</i>	<i>mexicana</i>	Nativa
Cyprinodontiformes	<i>Poeciliidae</i>	<i>Gambusia</i>	<i>affinis</i>	Introducida
Cyprinodontiformes	<i>Cyprinodontidae</i>	<i>Cyprinodon</i>	<i>bobmilleri</i>	Endémica

Herichthys cyanoguttatus (Baird & Girard, 1854)

El pez muestra características de la familia perciformes: cuerpo alargado o comprimido. Aleta dorsal con espinas anteriores y radios suaves posteriores. Aleta anal con 1 a 3 espinas y varios radios suaves. Boca terminal o subterminal. Escamas generalmente ctenoides. Posteriormente, se identificó como familia *Cichlidae* por los siguientes aspectos: Cuerpo ovalado y comprimido lateralmente. Aleta dorsal larga y continua. Aleta anal con 3 a 15 espinas. Boca protractil con labios gruesos. El organismo se identificó como género *Herichthys* por su cuerpo robusto y comprimido, cabeza grande y boca terminal, coloración azulada o verdosa y unas características manchas o puntos iridiscentes. Finalmente, se llegó a la conclusión de que el espécimen es de la especie *H. cyanoguttatus* al presentar las características distintivas de la especie: cuerpo ovalado y comprimido, cabeza prominente, coloración gris a verde oliva, manchas azules iridiscentes, 5 a 7 barras verticales oscuras, aleta dorsal puntiaguda con 16 a 18 espinas, aleta anal puntiaguda con 5 a 7 espinas y un tamaño de hasta 30 cm.

Mayaheros uropthalmus (Günther, 1862)

El pez muestra características de la familia perciformes: cuerpo alargado o comprimido. Aleta dorsal con espinas anteriores y radios suaves posteriores. Aleta anal con 1 a 3 espinas y varios radios suaves. Boca terminal o subterminal. Escamas ctenoides. El organismo presenta características de la familia *Cichidae*: cuerpo ovalado y comprimido lateralmente, aleta dorsal larga y continua, aleta anal con tres a 15 espinas, boca protractil con labios gruesos. Por presentar cuerpo robusto y comprimido, cabeza grande y boca terminal, así como coloración verdosa con manchas oceladas, se identificó el pez como género *Mayaheros*. Finalmente, el espécimen se identificó como especie *uropthalmus* debido a su coloración oliva a marrón, las manchas oceladas presentes en la base de su aleta caudal, la presencia de bandas oscuras verticales en el cuerpo, aleta dorsal puntiaguda con 17 a 19 espinas, aleta anal puntiaguda con cinco a nueve espinas y un tamaño de hasta 35 cm.

Poecilia mexicana (Steindachner, 1863)

Por la aleta dorsal situada hacia atrás y el gonopodio presente en los machos, el espécimen se situó en el orden de los Cyprinodontiformes. Posteriormente, al ser vivíparo, poseer gonopodio y la aleta caudal redondeada, fue identificado como perteneciente a la familia *Poeciliidae*. El gonopodio presenta ganchos o proyecciones, por lo que se determinó que el espécimen pertenece a la subfamilia *Poeciliinae*. La presencia de más de 6 radios blandos y la aleta dorsal situada por detrás del ano permitió identificar al pez como perteneciente al género *Poecilia*. Finalmente, se identificó al espécimen como *Poecilia mexicana* por su aleta dorsal con un número de radios que varía entre 8 a 19, cuerpo alargado y aplanado lateralmente, color gris plateado a marrón y manchas oceladas ausentes.

Gambusia affinis (Baird & Girard, 1853)

Este organismo también fue ubicado en el orden de los Cyprinodontiformes por la aleta dorsal situada hacia atrás y el gonopodio presente en los machos. Por ser un pez vivíparo y poseer la aleta anal modificada como gonopodio, además de tener la aleta caudal ligeramente bifurcada, se clasificaron como de la familia *Poeciliidae*. Debido a las proyecciones en forma de gancho en el gonopodio, se determinó que el pez pertenece a la subfamilia *Poeciliinae*.

El pez se clasificó en el género *Gambusia* por su cuerpo alargado y aplanado lateralmente, su coloración gris plateada, por no poseer manchas oceladas y poseer un gonopodio con ganchos. Por otro lado, el cuerpo largo y aplanado lateralmente, la longitud de 4 cm, su coloración gris plateada y una mancha oscura en la base de la aleta dorsal, permitieron identificar a nivel de especie el espécimen como *Gambusia affinis*.

Cyprinodon bobmilleri (Lozano-Vilano & Contreras-Balderas, 1993)

El espécimen presentó cuerpo robusto boca terminal y aletas redondeadas, por lo que se clasificó en el orden de los Cyprinodontiformes. Del mismo modo, se ubicó en la familia *Cyprinodontidae* por poseer una aleta dorsal con menos de 17 radios, una aleta anal con 1 espina y un número de radios que osciló entre 8 y 11, poseer escamas cicloides y dentadura bicúspide. Por otro lado, su cuerpo robusto y profundo, su aleta dorsal con un número de radios entre 9 y 14 y una aleta anal con 1 espina y entre 8 y 11 radios permitieron clasificarlo en el género *Cyprinodon*. Por último, las características como un cuerpo compacto y profundo, una longitud estándar de 5cm, la aleta dorsal con 11 radios y anal con 10, así como una coloración oscura con brillo metálico, permitieron identificar al espécimen como *Cyprinodon bobmilleri*.

Identificación molecular de la riqueza ictiológica

Las secuencias obtenidas fueron comparadas con la base de datos de la página del código de barras de la vida (The Barcode of Life Data Systems [BOLD]) con el fin de obtener una identificación basada en el porcentaje de similitud con las secuencias de referencia (Ratnasingham *et al.*, 2024) Los resultados permitieron identificar a los especímenes a nivel de especie con un porcentaje de similitud que varió entre el 98.88% y el 100% (Tabla 4).

Tabla 4. Identificación molecular de los especímenes.

Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Especie	Similitud
<i>Chordata</i>	<i>Actinopterygii</i>	Cichliformes	<i>Cichlidae</i>	<i>Herichthys</i>	<i>cyanoguttatus</i>	100.00 %
<i>Chordata</i>	<i>Actinopterygii</i>	Cyprinodontiformes	<i>Cyprinodontidae</i>	<i>Cyprinodon</i>	<i>bobmilleri</i>	99.85 %
<i>Chordata</i>	<i>Actinopterygii</i>	Cyprinodontiformes	<i>Poeciliidae</i>	<i>Gambusia</i>	<i>affinis</i>	98.88 %
<i>Chordata</i>	<i>Actinopterygii</i>	Cyprinodontiformes	<i>Poeciliidae</i>	<i>Poecilia</i>	<i>mexicana</i>	99.52 %

En el caso de la especie *Mayaeros urophthalmus*, esta no pudo ser identificada por vía molecular debido a que las reacciones de secuenciación fallaron tras repetidos intentos.

Diversidad ictiológica

El orden Cyprinodontiformes registró el mayor número de riqueza con tres especies (60%) y el orden Perciformes queda en segundo lugar con dos especies (40 %). De las tres especies pertenecientes a los Cyprinodontiformes dos son pertenecientes a la familia *Poeciliidae* (40%) y uno a la familia de los *Cyprinodontidae* (20%), mientras que por el lado de los perciformes ambas especies pertenecen a la familia *Cichlidae* (40%). (Figura 5).



Figura 5. Riqueza ictiológica de ANPBSI por orden.

Las especies más abundantes registradas fueron *Mayaheros urophthalmus* con 914 individuos (28.85%), *Poecilia mexicana* con 876 individuos (27.65%) y *Cyprinodon bobmilleri* con 751 individuos (23.71 %).

Análisis estadístico

Se realizó un análisis estadístico para comparar la diversidad de peces entre tres sitios del manantial hidrotermal: Isla Turquesa, Cachorrito y La Palma. Los resultados obtenidos se presentan en la Tabla 5.

Tabla 5. Resultados de la comparación entre sitios.

Comparación	GL	Suma de Cuadrados	<i>F-Model</i>	R ²	Valor de P	P ajustada	Significancia
Isla Turquesa vs Cachorrito	1	0.07931281	0.7248479	0.04922617	0.531	1.000	No significativa
Isla Turquesa vs La Palma	1	0.41523195	3.4852732	0.19932621	0.003	0.009	*
Cachorrito vs La Palma	1	0.49448143	4.4163987	0.23980794	0.002	0.006	*

Los resultados del análisis estadístico mostraron diferencias significativas en la diversidad de peces entre Isla Turquesa y La Palma (p ajustada = 0.009), así como entre Cachorrillo y La Palma (p ajustada = 0.006). No se encontraron diferencias significativas entre Isla Turquesa y Cachorrillo (p ajustada = 1.000).

Con respecto al análisis estadístico detallado para evaluar las diferencias en la diversidad de peces entre las estaciones del año: primavera, invierno, otoño y verano, este análisis se efectuó para comparar las diferencias en la composición de las especies de peces en cada estación (Tabla 6).

Tabla 6. Resultados de la comparación entre estaciones.

Comparación	G L	Suma de Cuadrados	<i>F-Model</i>	R ²	Valor de P	P ajustada	Significancia
Primavera vs Invierno	1	0.2497706 9	4.30018 4	0.300708 3	0.05 1	0.306	No significativa
Primavera vs Otoño	1	0.2638240 6	3.39230 5	0.253302 6	0.08 1	0.486	No significativa
Primavera vs Verano	1	0.7997750 5	5.79908 5	0.367052 0	0.00 2	0.012	*
Invierno vs Otoño	1	0.0790935 6	1.42949 9	0.125071 0	0.24 5	1.000	No significativa
Invierno vs Verano	1	0.4431058 3	3.83733 6	0.277317 6	0.01 7	0.102	No significativa
Otoño vs Verano	1	0.3855939 4	2.85287 3	0.221963 9	0.03 7	0.222	No significativa

Los datos obtenidos de diversidad fueron analizados mediante un análisis de conglomerados (*cluster analysis*) para observar patrones de agrupamiento entre los sitios muestreados. Este análisis permitió identificar claramente los grupos de sitios en función de sus características de diversidad de peces.

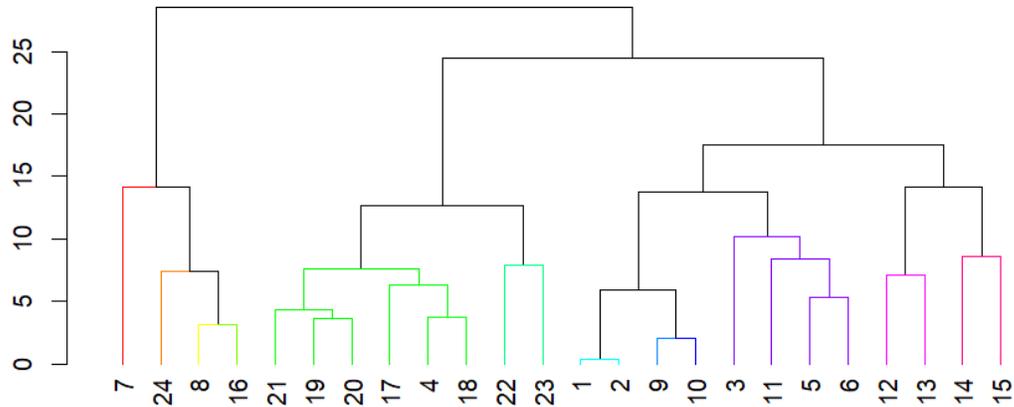


Figura 6. Dendrograma de la diversidad ictiológica.

En la Figura 6, se muestra el dendrograma resultante del análisis, donde se observa un agrupamiento distintivo de la Poza La Palma. Los muestreos correspondientes a este sitio están numerados del 17 al 24. Este agrupamiento indica que la diversidad de peces en La Palma es significativamente diferente de los otros sitios.

Por otro lado, los muestreos de la Isla Turquesa están numerados del 1 al 8, mientras que los del sitio Cachorrito se encuentran del 9 al 16. Estos sitios muestran un patrón de agrupamiento más cercano entre sí, sugiriendo una mayor similitud en la composición de especies de peces entre ellos en comparación con La Palma. Este análisis destaca la variabilidad en la diversidad de peces entre los diferentes sitios estudiados, subrayando las diferencias particulares de La Palma en comparación con Isla Turquesa y Cachorrito.

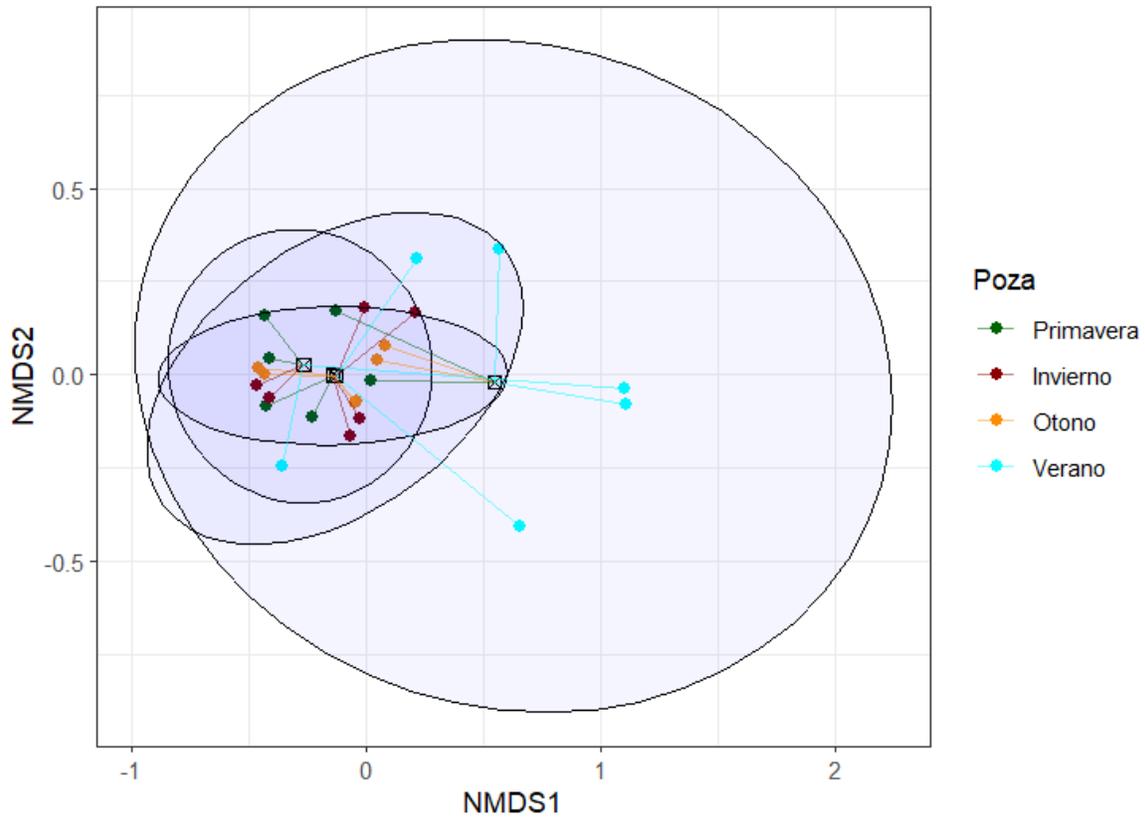


Figura 7. Análisis NMDS por época.

En la Figura 7, se presenta el análisis NMDS que evalúa la composición de especies de peces en diferentes épocas del año: primavera, invierno, otoño y verano. En este gráfico, los puntos correspondientes a cada época están representados por diferentes colores (verde para primavera, rojo para invierno, naranja para otoño y celeste para verano).

Se observa que no hay un patrón claro de agrupamiento distintivo entre las diferentes épocas del año. Las elipses de confianza que rodean los puntos de cada época se superponen considerablemente, lo que sugiere que la composición de especies de peces es relativamente constante a lo largo del año. Esto indica que, a pesar de las variaciones estacionales en las condiciones ambientales, no se observan cambios significativos en la diversidad de peces entre las diferentes épocas del año.

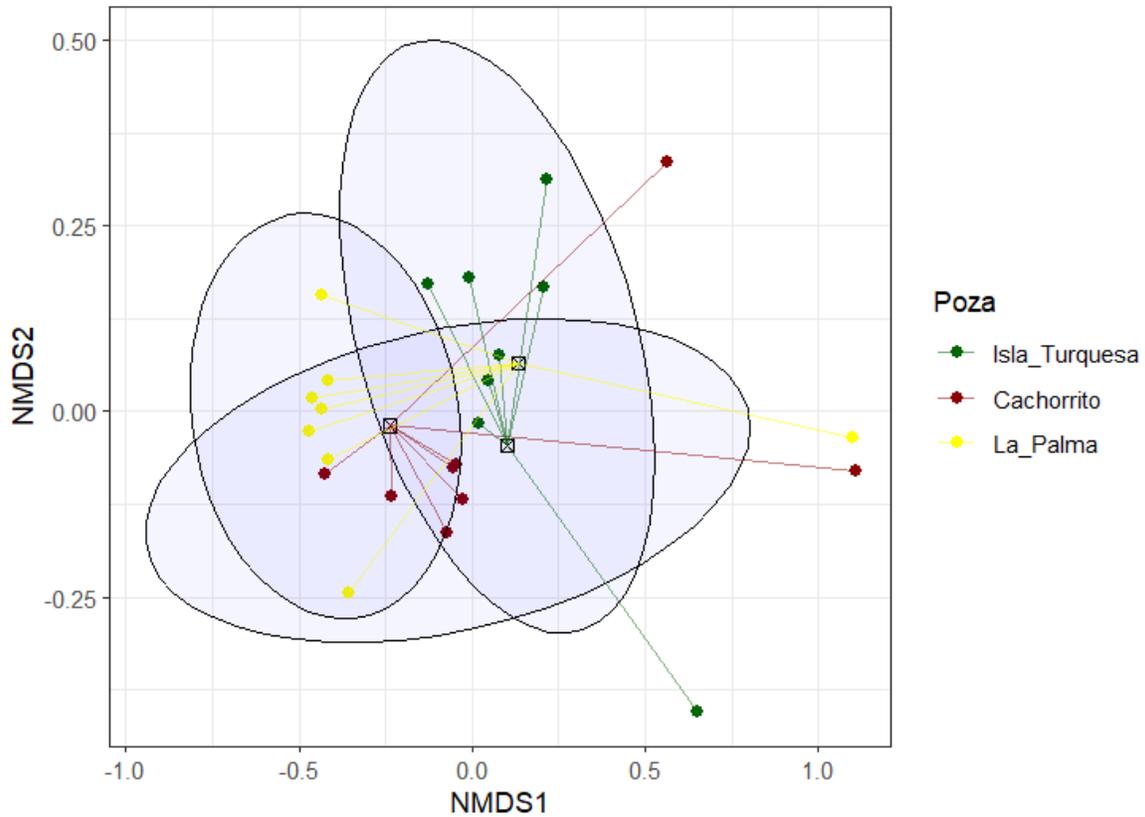


Figura 8. Análisis NMDS por poza.

En la Figura 8, se muestra el análisis NMDS para los diferentes sitios de muestreo: Isla Turquesa, Cachorrito y La Palma, representados por los colores verde, rojo y amarillo, respectivamente.

En contraste con el análisis estacional, esta figura revela un patrón de agrupamiento distintivo entre los diferentes sitios. La Poza La Palma (amarillo) muestra un agrupamiento separado y más disperso en comparación con Isla Turquesa (verde) y Cachorrito (rojo). Las elipses de confianza que rodean los puntos de La Palma no se superponen significativamente con las de los otros dos sitios, indicando una composición de especies de peces claramente diferente en La Palma.

DISCUSIÓN

El presente estudio se enfocó en analizar la diversidad y abundancia de especies de peces en el Baño de San Ignacio, un ecosistema acuático de importancia ecológica en México. Se identificaron cinco especies: *Herichthys cyanoguttatus* (Baird & Girard, 1854), *Mayaheros urophthalmus* (Günther, 1862), *Poecilia mexicana* (Steindachner, 1863), *Gambusia affinis* (Baird & Girard, 1853) y *Cyprinodon bobmilleri* (Lozano-Vilano & Contreras-Balderas, 1993).

Cantú *et al.* (2007) realizaron un estudio previo en el Baño de San Ignacio y registraron una diversidad similar, aunque con algunas diferencias notables. Estos investigadores reportaron las siguientes especies de peces: “tetra mexicana” (*Astyanax mexicanus*); “cachorrito” (*Cyprinodon nv. sp.*); “sardinilla” (*Fundulus ca. grandis*); “molly” (*Poecilia ca. formosa*) y “mojarrita” (*Cichlasoma nv. sp.*).

En este trabajo se reportan *Mayaheros urophthalmus*, *Gambusia affinis* como una adición importante a la lista de especies de Baño de San Ignacio, ya que no han sido reportadas anteriormente. Con respecto a la identificación molecular de *M. urophthalmus*, esta no pudo ser realizada debido a que fallaron las reacciones de secuenciación. Se obtuvo un ADN de calidad adecuada con el método de extracción utilizado y se amplificó una banda (tenue) del tamaño esperado. Sin embargo, a pesar de haber usado un método de purificación de productos de PCR y de haber repetido en distintas ocasiones la secuenciación, no pudo obtenerse una lectura de la secuencia correspondiente al organismo. A pesar de esto, la identificación taxonómica fue llevada a cabo con el rigor requerido para aseverar la presencia de la especie en el sitio; si bien las técnicas moleculares son un complemento muy útil, la identificación taxonómica por técnicas tradicionales brinda el soporte necesario para esta investigación.

Por otro lado, no se confirmó la presencia de las especies *Astyanax mexicanus*, *Poecilia formosa* ni *Fundulus grandis*. Dados los esfuerzos de muestreo y el poder de las pruebas de identificación utilizadas, puede sugerirse que estas especies ya no se encuentran presentes en el sitio. Estos peces son reconocidos como “especies de forraje”, por lo que podría existir la posibilidad de alguna de las nuevas especies (por ejemplo, *M. urophthalmus*) las depredaran,

aunque hacen falta otro tipo de estudios para verificar este supuesto. Con respecto a la presencia de *Cyprinodon bobmilleri*, este pez endémico de Nuevo León tiene la capacidad única de tolerar aguas sulfurosas, por lo que su presencia en el sitio es justificable, lo que le confiere un nicho especial en el ecosistema (Contreras-Balderas y Lozano-Vilano, 1993).

El análisis de diversidad y abundancia de especies en el Baño de San Ignacio muestra que las especies más abundantes fueron *Poecilia mexicana* y *Mayaheros urophthalmus*. Ambos son peces que se adaptan bien a diferentes condiciones de agua y tienen un comportamiento de reproducción prolífico, lo que les permite prosperar en ambientes cambiantes (Steindachner, 1863; Günther, 1862).

La presencia de *Gambusia affinis* es notable, ya que es una especie introducida utilizada para el control de mosquitos, pero que también puede competir con especies nativas (Baird y Girard, 1853).

La presencia de especies introducidas como *Mayaheros urophthalmus* y *Gambusia affinis* plantea riesgos para el ecosistema local, ya que pueden desplazar a las especies nativas y alterar el equilibrio ecológico. *Cyprinodon bobmilleri*, por otro lado, es una especie endémica con una notable adaptabilidad a aguas sulfurosas, lo que resalta la importancia de conservar este tipo de hábitat único (Contreras-Balderas y Lozano-Vilano, 1993).

Las especies introducidas, como *Mayaheros urophthalmus* y *Gambusia affinis*, presentan un potencial riesgo de invasión en el Baño de San Ignacio. Estas especies pueden competir con las nativas por recursos y alterar las redes tróficas locales (Günther, 1862; Baird y Girard, 1853). Es importante implementar estrategias de manejo y control para evitar que estas especies se conviertan en invasoras y causen daños irreparables al ecosistema.

Se sugiere la implementación de monitoreos periódicos y controles poblacionales, así como la restauración de hábitats y la educación pública sobre los riesgos asociados con las especies invasoras.

Estudios ecológicos detallados son esenciales para comprender el papel de cada especie en el ecosistema y para evaluar su impacto potencial. Las especies como *Poecilia mexicana* y *Mayaheros urophthalmus* pueden desempeñar roles importantes como controladores de algas y depredadores de insectos acuáticos, pero su proliferación excesiva puede tener efectos

negativos en la biodiversidad local ya que durante el estudio se confirmó la depredación de *Cyprinodon bobmilleri* por parte de *Mayaheros urophthalmus* (Steindachner, 1863; Günther, 1862).

Por otro lado, *Cyprinodon bobmilleri* es una especie de interés particular debido a su adaptabilidad y su nicho especializado. Es fundamental estudiar el equilibrio entre estas especies y su interacción con el hábitat para informar políticas de conservación efectivas.

El área natural protegida Baño de San Ignacio es un ecosistema frágil que requiere esfuerzos de conservación para mantener su biodiversidad. La presencia de especies endémicas como *Cyprinodon bobmilleri* resalta la importancia de proteger este hábitat único, que alberga una ictiofauna diversa y adaptada a condiciones extremas (Contreras-Balderas y Lozano-Vilano, 1993).

La conservación de este hábitat implica controlar las especies introducidas, restaurar áreas degradadas y proteger las fuentes de agua de contaminantes y actividades humanas destructivas.

Este estudio revela diferencias significativas en la diversidad de peces entre diferentes sitios en un sistema de pozas termales, con un enfoque especial en la poza La Palma, la cual mostró variaciones notables en los parámetros fisicoquímicos, particularmente en la temperatura del agua. A pesar de que las pozas termales generalmente mantienen una temperatura estable durante todo el año, La Palma presentó fluctuaciones drásticas de temperatura entre 15°C y 34°C. Esta variabilidad puede atribuirse a su lejanía del manantial termal principal, lo cual la distingue de otras pozas estudiadas.

La situación de la RN-BSI puede compararse con el ecosistema de Cuatro Ciénegas, un sistema de manantiales conocido por su alta diversidad ictiológica y condiciones ambientales únicas. De Leon, Escalante y Eguiarte (2005) proporcionan una lista de las especies de peces presentes en la cuenca de Cuatro Ciénegas, destacando la riqueza y singularidad de este ecosistema. Valdez-Hernández et al. (2010) describen las características limnológicas de las pozas de Cuatro Ciénegas, resaltando cómo las condiciones ambientales específicas sustentan una diversidad elevada de peces. Estas características incluyen la estabilidad en la

temperatura del agua y la disponibilidad de nutrientes, factores que son cruciales para mantener la diversidad biológica.

Contreras-Balderas y Escalante (2014) analizan la filogenia molecular y la biogeografía histórica de los peces de Cuatro Ciénegas, proporcionando información valiosa sobre la evolución y diversificación de estas especies únicas. Esta información es relevante para entender cómo las condiciones ambientales históricas y actuales influyen en la diversidad de peces en ecosistemas de manantiales. En La Palma, la variabilidad de la temperatura podría estar afectando la evolución de las especies de manera similar a lo observado en Cuatro Ciénegas.

Las fluctuaciones en la temperatura del agua en La Palma, posiblemente debido a su lejanía del manantial termal principal, representan un factor determinante en la diversidad y estructura de las comunidades de peces. Olden *et al.* (2004) discuten cómo los extremos climáticos pueden impactar las comunidades acuáticas, y aunque su enfoque está en los eventos a gran escala, los principios son aplicables a las variaciones locales observadas en La Palma. Las fluctuaciones de temperatura pueden crear condiciones ambientales que favorecen o desfavorecen ciertas especies, alterando así la estructura comunitaria.

CONCLUSIONES

La Reserva Natural Baño de San Ignacio alberga una diversidad notable de especies de peces, incluyendo especies endémicas, nativas e introducidas. Es crucial realizar estudios continuos y monitoreos para evaluar el impacto de las especies introducidas, comprender el papel ecológico de cada especie y desarrollar estrategias de conservación efectivas. La conservación de este hábitat único es vital para proteger la biodiversidad y mantener el equilibrio ecológico de la región.

PERSPECTIVAS

A pesar de los avances logrados en la comprensión de la diversidad de peces en este sistema de pozas termales, quedan varias áreas que requieren mayor investigación. En particular, sería beneficioso realizar estudios a largo plazo para monitorear cómo las fluctuaciones en los parámetros fisicoquímicos, como la temperatura, el oxígeno y los sólidos disueltos totales, afectan la estructura de las comunidades de peces de manera temporal. Además, se necesitan estudios que investiguen el impacto de factores antropogénicos y cambios climáticos en estos ecosistemas, para desarrollar estrategias de conservación y manejo más efectivas. La integración de técnicas moleculares y filogenéticas, similares a las utilizadas por Contreras-Balderas y Escalante (2014) en Cuatro Ciénegas, también podría proporcionar información valiosa sobre la evolución y diversificación de las especies de peces en estas pozas. Por último, es esencial evaluar la conectividad entre diferentes pozas y cómo esto influye en la dispersión y persistencia de las poblaciones de peces, lo que contribuiría a un enfoque de conservación más holístico y sostenible.

LITERATURA CITADA

- Adhikari, K., & Gopalakrishnan, A. (2009). Seasonal dynamics of fish diversity in a tropical river system. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 19(1), 102-112.
- Bach, V., Hélias, A., Muhl, M., & Wojciechowski, A. (2022). Assessing overfishing based on the distance-to-target approach. *International Journal of Life Cycle Assessment*. <https://link.springer.com/article/10.1007/s11367-022-02042-z>
- Baird, S. F., & Girard, C. (1853). *Descriptions of New Species of Fishes Collected by Mr. John H. Clark*. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.74188>
- Boonstra, W. J., & Österblom, H. (2014). A chain of fools: or, why it is so hard to stop overfishing. *Maritime Studies*. <https://link.springer.com/article/10.1186/s40152-014-0015-4>
- Cantú Ayala, C. 2009. Ficha Informativa de los Humedales de Ramsar (FIR) – Versión 2009-2012. pp. 2-3
- Cantú, E., García, E., y Hernández, J. (2007). Informe sobre la Ictiofauna del Baño de San Ignacio. *Revista de Biología Tropical*, 55(4), 1234-1245. <https://doi.org/10.15517/rbt.v55i4.1234>
- Cantú, C.; Briones, O; Cabral, I.; Cotera, M. Contreras, S.; Estrada, E.; Guevara, J.; González, F.; González, E.; Marroquín, J.; Navarro, I.; Rodríguez, G.; Rangel, M.; Ruiz, M.; Treviño, E.; Werner, J. .1994. Propuesta para el establecimiento de la Reserva Especial de la Biosfera "Baño de San Ignacio." Linares, N.L. Reporte Técnico, Facultad de Ciencias Forestales, UANL, México, p.2-61.
- Contreras-Balderas, S., & Lozano-Vilano, M. L. (1993). *Cyprinodon bobmilleri* sp. nov., a New Species of Cyprinodontid Fish from Nuevo León, Mexico. *Copeia*, 1993(3), 828-838. <https://doi.org/10.2307/1447258>
- Contreras-Balderas, F., & Escalante, T. (2014). Molecular phylogeny and historical biogeography of the Cuatrociénegas fishes (Actinopterygii: Cyprinodontidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 80, 112-122. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2014.03.014>

De Leon, G., Escalante, T., & Eguiarte, L. M. (2005). Fishes of Cuatro Ciénegas Basin, Coahuila, Mexico: an updated checklist. *Texas Journal of Science*, 58(2), 115-121.

Estrade, P., Escalante, T., & Jeffery, J. (2015). A conservation assessment of the Cuatrociénegas pupfishes (Actinopterygii: Cyprinodontidae): an integrative approach. *Hydrobiologia*, 759(1), 189-204.

Galvis, G. Y Mojica, J.I. 2007. The Magdalena river freshwater fishes and fisheries. *Aquatic Ecosystem Health and Management*, 10(2): 127-139.

Günther, A. (1862). *Catalogue of the Fishes in the British Museum*. British Museum. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.20837>

Hardy, C. M., Adams, M., Jerry, D. R., Morgan, M. J., & Hartley, D. M. (2011). DNA barcoding to support conservation: species identification, genetic structure and biogeography of fishes in the Murray—Darling River Basin, Australia. *Marine and Freshwater Research*, 62(8), 887-901.

Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>

Intergovernmental Panel on Climate Change. (2014). *Climate Change 2014: Synthesis Report. Contribution of Working Groups I, II and III to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change* [Core Writing Team, R.K. Pachauri and L.A. Meyer (eds.)]. IPCC.

Karahan, A., Douek, J., Paz, G., Stern, N., Kideys, A. E., Shaish, L., Menachem, G. & Rinkevich, B. (2017). Employing DNA barcoding as taxonomy and conservation tools for fish species censuses at the southeastern Mediterranean, a hot-spot area for biological invasion. *Journal for Nature Conservation*, 36, 1-9.

Mittelbach, G. (2012). Community structure and dynamics. In *Community ecology: The synthesis* (pp. 193-257). Springer US.

Mojica, J. I., Usma, S., Álvarez-León, R., & Lasso, C. A. (2012). Libro rojo de peces dulceacuícolas de Colombia 2012. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt.

Mooney, H. A., & Cleland, E. E. (2001). The evolutionary impact of invasive species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(10), 5446-5451. <https://doi.org/10.1073/pnas.091093398>

Olden, J. D., Poff, N. L., Douglas, M. R., & Palmer, M. A. (2004). Are large-scale climatic extremes rare events for stream communities? *Global Change Biology*, 10(11), 1771-1785. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2004.00881.x>

Pérez1-Huete, A.J., F. Quezada. (2013). Genomic approaches in marine biodiversity and aquaculture *Biol. Res.*, 46 (2013), pp. 353-361

Ratnasingham S, Wei C, Chan D, Agda J, Agda J, Ballesteros-Mejia L, Ait Boutou H, El Bastami Z M, Ma E, Manjunath R, Rea D, Ho C, Telfer A, McKeowan J, Rahulan M, Steinke C, Dorsheimer J, Milton M, Hebert PDN (2024). BOLD v4: A Centralized Bioinformatics Platform for DNA-based Biodiversity Data. [Preprint]. arXiv. DOI: 10.48550/arXiv.2404.05696

S. Vargas, A. Schuster, K. Sacher (2012). Barcoding sponges: an overview based on comprehensive sampling *PLoS ONE*, 7 (7) (2012), p. e39345, 10.1371/journal.pone.0039345

SEMARNAT. 2010. Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010, Protección ambiental– Especies nativas de México de flora y fauna silvestres– Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio– Lista de especies en riesgo. *Diario Oficial de la Federación* 30 diciembre, 2010.

Steindachner, F. (1863). *Ichthyologische Notizen (III)*. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.5328>

Steinke, D., T.S. Zemlak, J.A. Boutillier (2009a). DNA barcoding Pacific Canada's fishes. *Mar. Biol.*, 156 (2009), pp. 2641-2647

Steinke, D., T.S. Zemlak, P.D.N. Hebert (2009b). Barcoding Nemo: DNA-based identifications for the ornamental fish trade *PLoS ONE*, 4 (7) (2009), p. e6300, 10.1371/journal.pone.0006300

Swartz, E. R., Mwale, M., & Hanner, R. (2008). A role for barcoding in the study of African fish diversity and conservation. *South African Journal of Science*, 104(7), 293-298.

Valdez-Hernández, J., Van der Heiden, M. G., & Escalante, T. (2010). Limnological characteristics of Cuatro Ciénegas pozas: A unique ecosystem in the Chihuahuan Desert, Mexico. *Limnetica*, 29(1), 13-25.

ANEXOS

Anexo 1. Parámetros físico químicos y número de ejemplares colectados por mes en todos los sitios.															
SITIO	ÉPOCA	MES		TD S	Temp (°C)	pH	Conductividad	Alcalinidad	Dureza	Amonio	<i>Mayahe ros urophthalmus</i>	<i>Gambusia affinis</i>	<i>Herichthys cyanoguttatus</i>	<i>Poecilia mexicana</i>	<i>Cyprinodon bobmilleri</i>
La Palma	Primavera	Abril		2.69	25.9	9.07	5.39	14.2	6	0	21	8	37	32	0
		Marzo		2.54	18.7	8.12	5.36	14.7	8	0	35	8	41	36	0
	Invierno		2.69	15.6	8.16	5.4	15.6	6	0	34	5	26	28	0	

	r n o	D i c i e m b r e		2.67	28.9	7.85	5.48	14.4	4	0	35	2	29	21	0
	O t o ñ o	N o v i e m b r e		2.91	32	7.62	5.29	15.2	5	0	29	5	28	15	0
		O c t u b r e		2.97	30	7.5	5.93	14.8	5	0	22	4	11	12	0
	V e r a n o	A g o s t o		2.95	34	7.49	5.91	15.3	4	0	40	6	11	7	2

		J u l i o		2.77	29.1	7.82	5.53	13.7	3	0	0	0	0	5	1
Isl a Tu rq ue sa	P r i m a v e r a	A b r i l		2. 92	28.3	8.84	5.93	15	7	0	88	19	44	85	110
		M a r z o		2. 86	25.4	8.09	5.62	15.3	8	0	79	19	52	91	103
	I n v i e r n o	E n e r o		2. 89	33	9.05	5.78	15.2	7	0	65	16	41	38	20
		D i c i e m b r e		2.96	32.7	7.55	5.9	14.7	10	0.3	52	12	31	30	0

	O t o ñ o	N o v i e m b r e		2.93	32.4	7.78	5.85	15	6	0	41	15	27	32	57
		O c t u b r e		2.9	32.9	7.68	5.88	14.6	6	0	26	8	23	35	51
	V e r a n o	A g o s t o		2.94	33.9	7.49	5.91	15.4	5	0	21	0	0	32	14
		J u l i o		2.91	34.6	7.78	5.81	15.7	4	0.3	0	0	0	28	4
Ca ch o r r i t o	P r i m a	A b r i l		2.94	29.04	9.04	5.92	15.2	5	0	75	8	15	76	88

	v e r a	M a r z o		2.88	25.2	7.83	5.8	15.7	6	0	71	6	18	87	111
	I n v i e r n o	E n e r o		2.94	23.2	8.12	5.81	15.7	7	0	42	6	9	32	47
		D i c i e m b r e		2.98	27.7	7.56	5.94	15	7	0.3	45	2	12	31	9
	O t o ñ o	N o v i e m b r e		2.95	29.6	7.65	5.78	14.8	6	0	38	1	9	29	20

		O c t u b r e		2.98	30.5	7.77	5.92	15.1	5	0	27	1	6	41	77
	V e r a n o	A g o s t o		3	31.8	7.72	5.99	15	6	0	28	0	5	32	33
		J u l i o		2.95	33.3	7.99	5.9	14.7	5	0.3	0	1	0	21	4

Anexo 2. Secuencias de los peces colectados en la presente investigación.

Secuencia de *Herichthys cyanoguttatus*. Individuo MIT1

CCAAAAATCGGCCCGTCTATCTAATTTTTGGTGCCTGAGCCGGAATAGTAGGAA
CTGCTTTAAGCCTCCTGATCCGAGCAGAACTAAGCCAACCAGGCTCTCTCCTTG
GAGATGACCAAATCTATAATGTAATCGTAACTGCGCACGCCTTTGTAATAATTT
TCTTTATAGTCATGCCTATCATAATTGGAGGTTTCGGCAATTGACTGATCCCCCT
TATAATCGGGGCTCCAGACATGGCCTTCCCTCGAATAAACAACATGAGCTTCTG
ACTTCTACCCCCTTCATTCCTCCTCCTCGCTTCATCAGGGGTTGAAGCTGGT
GCCGGAACAGGCTGAACCGTTTACCCACCACTAGCAGGAAATCTGGCGCACGC
CGGCCCTCAGTTGACCTAACCATTTTTTCCCTCCACCTAGCAGGGGTTTCGTCT
ATCCTCGGGGCAATTAACCTTATTACCACAATTATCAACATGAAGCCCCCAGCA
ATCTCCAATATCAAACCTCCCTGTTTGTTTGAGCACTTCTAATTACCGCCGTCC
TCCTCCTGCTATCCCTGCCAGTCCTTGCTGCCGGCATTACTATGCTTTTAACCGA
TCGAAACCTAAACACAACCTTTTTTGACCCAGCAGGGGGAGGAGACCCCATTC
TCTACCAACACCTGTTCTGATTCTTCGGTCACCCTGAAGTGTCTGCTTTTTTTTC
CTCGGAAAA

Secuencia de *Herychthys cyanoguttatus*. Individuo HIT1

AAAAGATTTTCGGCACAGTCTATCTAATTTTTGGTGCCTGAGCCGGAATAGTAGG
AACTGCTTTAAGCCTCCTGATCCGAGCAGAATAAGCCAACCAGGCTCTCCT
TGGAGATGACCAAATCTATAATGTAATCGTAACTGCGCACGCCTTTGTAATAAT
TTTCTTTATAGTCATGCCTATCATAATTGGAGGTTTCGGCAATTGACTGATCCCC
CTTATAATCGGGGCTCCAGACATGGCCTTCCCTCGAATAAACAACATGAGCTTC
TGACTIONTACCCCTTCATTCCTCCTCCTCGCTTCATCAGGGGTTGAAGCTG
GTGCCGGAACAGGCTGAACCGTTTACCCACCACTAGCAGGAAATCTGGCGCAC
GCCGGCCCCCTCAATTGACCTAACCAATTTTTTCCCTCCACCTAGCAGGGGTTTCG
TCTATCCTCGGGGCAATTAACCTTTATTACCACAATTATCAACATGAAGCCCCCA
GCAATCTCCCAATATCAAACCTCCCTGTTTGTGTTGAGCACTTCTAATTACCGCC
GTCCTCCTCCTGCTATCCCTGCCAGTCCTTGCTGCCGGCATTACTATGCTTTTAA
CCGATCGAAACCTAAACACAACCTTTTTTGACCCAGCATGGGGAGGAGACCCC
ATTCTCTACCAACACCTGTTCTGATTCTTCGGTCACCCTGAAGTGTCTGCTTTTT
TTTTTACGGGGAA

Secuencia de *Gambusia affinis*. Individuo GLP1

CAAGGATCGGCCCTCTACCTACTAATTGGTGCCTGAGCTGGCCTAGTTGGAAC
AGGTCTGAACCTACTCTCCGGGGCCAAACTCAGTCAGCCAGGCACACTTCTTGG
AGACGACCAGATCTACAATGTAATCGTTACAGCTCATGCTTTTGTAAATAATCTT
TTTTATAGTTATACCCATCATAATTGGAGGATTTGGTAACTGACTAGTCCCCCT
AATAATTGGTGCSCCCGACATGGCCTTTCCACGAATAAACAAACATAAGCTTTTG
ATTACTTCCCCCTCATTTCTCCTCCTTGCATCTTCTGGGGTTGAAGCAGGG
GCAGGAACAGGCTGAACTGTCTACCCCCCTCTCGCAGGTAACCTAACCCATGC
CGGACCTTCTGTAGACTTAACCATCTTTTCCCTTACCTGGCGGGCATCTCCTCT
ATTCTGGGAGCTATTAATTTTATTACCACCATTATTAATATAAAACCTCCCGCA
GCCTCCCAGTACCAAACACCATTGTTTGTGTGAGCAGTCCTAATTACAGCTGTC
CTCCTCCTTCTTTCCCTTCCAGTTCTTGCCGCAGGCATTACGATACTTCTTACAG
ATCGAAACCTAAACACCACTTTCTTTGATCCGGCGGGGGGCGGAGACCCAATC
CTCTATCAACACCTGTTCTGATTCTTCGGTCACCCTGAAGTGTCTACTTTTTTTT
TTCCGGGAG

Secuencia de *Poecilia formosa*. Individuo PIT1

CCCATCATTTGGGGGAACCTTTATCTGGTATTTGGTGCTTGAGCCGGCATAGTG
GGAACAGGTCTGAGTCTTTTAATCCGAGCCGAACCTCAGTCAACCAGGATCCCTC
CTAGGCGATGACCAAATTTATAATGTAATCGTCACAGCTCATGCCTTTGTAATA
ATCTTTTTTATAGTTATGCCAATTATAATTGGCGGCTTCGGTAATTGATTAGTAC
CACTAATAATTGGTGCCCCTGATATAGCCTTTCACGAATGAATAATATGAGCT
TCTGACTTCTACCGCCCTCATTCCCTCCTCCTTAGCATCTTCTGGGGTAGAAGC
AGGGGCTGGTACAGGTTGAACCGTCTACCCACCTCTTGCAGGCAATTTAGCCCA
CGCTGGTCCCTCTGTAGATCTAACTATTTTTTCACTCCACCTGGCAGGTATTTCC
TCCATTCTAGGGGCAATCAACTTTATTACCACTATTATTAATATAAAACCCCT
GCAGCATCTCAATACCAAACACCCCTATTTGTCTGAGCTGTAATGATTACAGCT
GTACTTCTACTTCTCTCCCTCCTGTGCTCGCCGCTGGCATCACCATGCTTCTAA
CAGATCGAAATCTAAATACCACTTTCTTCGACCCTGCAGGAGGGGGAGATCCA
ATTCTTTATCAACACCTATTCTGATTCTTCGGTCACCCTGAAGGTCAAC

Secuencia de *Cyprinodon bobmilleri*. Individuo CIT1

CAAAAAATCGGCACGCTTTACCTAGTATTTGGTGCTTGAGCCGGTATAGTCGGA
ACAGCCCTCAGCTTACTTATTCGTGCTGAACTGAGCCAACCAGGCTCTCTTCTG
GGCGACGACCAGATTTATAACGTAATCGTCACCGCTCATGCATTTGTAATAATC
TTTTTTATGGTAATGCCTATTATGATTGGGGGCTTTGGCAACTGATTAATTCCCC
TTATGATTGGGGCCCCTGATATGGCCTTCCCTCGAATAAACAACATAAGCTTCT
GGCTCCTTCCCCCTCTTTCCTCCTTCTATTGGCCTCCTCAGGCGTAGAAACAGG
AGCTGGAACAGGCTGAACAGTCTACCCCCCTCTTGCAGGTAACCTGGCTCATGC
AGGGGCTTCCGTAGACTTAACAATTTTCTCCCTTCACCTAGCAGGGATTTTCATC
AATTCTTGGGGCTATTAACTTCATTACAACAATTATTAATATGAAGCCCCCTGC
TATTTACAGTATCAAACCCCCTTATTCGTTTGAGCGGTTCTTATTACTGCCGTT
CTTCTCCTTCTCTCCCTTCTGTTCTTGCTGCCGGCATCACCATGCTGCTTACAG
ATCGAAATCTAAACACAACATTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGGGACCCCATC
CTATACCAACACCTCTTCTGATTCTTCGGTCACCCTGAAGTGCTACTTTTTTTTC
CTCGGGAA

Análisis NMDS

```
# Cargar las bibliotecas necesarias
```

```
if (!require("vegan")) install.packages("vegan", dependencies = TRUE)
```

```
library(vegan)
```

```
library(readr)
```

```
# Leer el archivo CSV
```

```
read.csv("Tesis.csv")
```

```
# Mostrar las columnas del archivo para que el usuario pueda seleccionar
```

```
print(colnames(datos))
```

```
variables <- readline(prompt="Poza, Mes, Muestreo, TDS, T°, pH,  
Conductividad, OD, Alcalinidad, Dureza, Amonio,  
Mayaheros urophthalmus, Gambusia affinis, Herichthys cyanoguttatus,  
Poecilia mexicana, Cyprinodon bobmilleri, S, D, 1/S")
```

```
# Convertir la entrada de usuario en un vector y seleccionar los datos
```

```
columnas <- strsplit(variables, ",")[[1]]
```

```
datos_seleccionados <- datos[, columnas]
```

```
# Convertir los datos a matriz y calcular la matriz de distancias
```

```
matriz_distancias <- vegdist(datos_seleccionados, method = "euclidean")
```

```
# Realizar el análisis de NMDS

nmds <- metaMDS(matriz_distancias, trymax = 100)

# Imprimir los resultados del NMDS

print(nmds)

# Opcional: Crear un plot

plot(nmds$points, type = "n")

text(nmds$points, labels = row
```